

Research Paper

Stability Analysis of Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes by the Genotype × Genotype-Environment Biplot

Mohsen Esmaeilzadeh Moghadam¹, Manoochehr Dastfal², Seyed Mahmoud Tabib Ghaffary³, Seyed Bahram Anderzian⁴, Manouchehr Sayyahfar⁵, Khaled Miri⁶, Shirali Koohkan⁷, Alireza Askari Kalestani⁸

1- Professor, Seed and Plant Improvement Department, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

2- Instructor, Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran

3- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Safiabad Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Dezful, Iran

4- Associate Professor Crop and Horticultural Science Research Department, Khuzestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Ahvaz, Iran

5- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran

6- Assistant Professor, Baluchistan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Iranshahr, Iran

7- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Sistan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Zabol, Iran

8- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran, (Corresponding author: ar.askary@areeo.ac.ir)

Received: 11 February, 2024

Accepted: 14 June, 2024

Extended Abstract

Background: The Production of high-yielding and stable cultivars is the most important objective of crop breeding programs, including wheat. Wheat is one of the key crops cultivated in Iran. The final yield of each plant is determined by the genotype potential, the environmental effect, and the interaction effect of genotype × environment. Studies on genotype × environment interactions can help determine whether a genotype is stable in performance across a wide range of environments. Various methods (univariate and multivariate methods) have been introduced to evaluate the interaction effect, each of which examines the nature of the interaction effect from a specific point of view. The results of different methods may not be the same, but the best result is obtained when a genotype with different evaluation methods shows similar results in terms of stability. Univariate methods do not provide a complete view of the complex and multidimensional nature of genotype × environment interaction, therefore, the use of multivariate methods is suggested to solve this problem. Among the multivariate methods, genotype × genotype-environment (GGE) biplot methods are more important. Therefore, this study aimed to identify promising and stable top-performing lines of bread wheat for warm and dry climates using the GGE biplot method.

Methods: The adaptability and stability of 37 promising bread wheat lines were evaluated in 10 environments, along with three checks (Chamran2, Sarang, and Mehregan). The experiment was conducted using a randomized complete block design with three replications in two cropping seasons (2020-2021 and 2021-2022) at five research stations (Darab, Ahvaz, Dezful, Khorramabad, and Zabol). In the field, each plot was planted with a density of 450 seeds/m². Each line was planted in plots with six four-meter lines with 20 cm line spacing. At the end of the growing season, six rows of five-meter spikes from each plot were harvested and threshed by a Wintersteiger combine. The weight of the obtained grains was measured by a digital scale and reported in hectares.

Grain yield was determined using combined analyses of variance. The GGE biplot statistical method (genotype effect + genotype × environment interaction) was used to



study the stability of genotypes in the studied environments. SPSSv22 software was used to analyze the experimental data using the analysis of the combined experiment. The data were analyzed with GGE-Biplot software using the GGE biplot graphic method.

Results: The Smirnov-Kolmogorov test was conducted to examine residual errors in each environment. The results for each environment separately showed that the residual data were normal in all environments. Bartlett's test results for the environments indicated the homogeneity of error variances, allowing for a combined analysis of variance, which showed the significant main effects of the environment, genotype, and genotype \times environment interaction for grain yield. The significance of the interaction effects of genotypes in this study showed that the genotypes responded differently in different environments; in other words, the difference between genotypes is not the same from one environment to another, and the stability of grain yield can be evaluated in these conditions. The environment, genotype, and genotype \times environment interaction effects accounted for 70.12%, 1.24% and 9.57% of the total variation, respectively. The results showed that the three PCAs explained 54% of the total agronomical variability residing in the tested wheat genotypes. The first two PCAs accounted for 29% and 25% of the total variation, respectively. The GGE biplot analysis revealed four mega-environments and five superior genotypes. The polygonal diagram obtained from the analysis showed that the genotypes GT biplot arising G31.G21 .G29, G27, and G32, which were located at the vertices of the polygon, were the superior genotypes. The average environmental coordinate of the GGE biplot analysis showed that genotypes G29, G28, and G16 had high grain yield and stability. The biplot of the correlation among environments revealed that the environmental vectors of Ahwaz and Zabol were near 90°, thus these locations were different environments. Based on the results, the environment of Zabol can be introduced as a favorable environment for selecting the best bread wheat genotypes.

Conclusion: Given the climate change in Iran, particularly in the hot and dry regions of the south, there is always a pressing need for using sustainable varieties with high performance. This study has clearly and easily aided in the identification of stable and superior genotypes graphically. Wheat breeders worldwide consider breeding varieties specifically adapted to different geographical and climatic agricultural regions. The general adaptability of varieties to several regions was identified in this study, indicating that the Zabol environment could be introduced as a suitable environment for selecting superior genotypes of bread wheat. Finally, it is recommended to select genotypes G29, G28, and G16 for further testing and promotion after seed multiplication and selection under farm conditions, eventually introducing them as new wheat varieties. The results obtained in this study demonstrate the efficiency of the GGE biplot technique for selecting high-yielding and stable varieties.

Keywords: Promising bread lines, stability, Genotype \times environment interaction.

How to Cite This Article: Esmaeilzadeh Moghadam, M., Dastfal, M., Tabib Ghaffary, S, M., Anderzian, S, B., Sayyahfar, M., Miri, KH., Koohkan, SH., & Askari kalestani, A. (2024). Stability Analysis of Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes by the Genotype \times Genotype-Environment Biplot. *J Crop Breed*, 16(3), 13-24. DOI: 10.61186/jcb.16.3.13



مقاله پژوهشی

تجزیه پایداری ژنوتیپ‌های گندم نان (*Triticum aestivum* L.) با استفاده از روش GGE-biplotمحسن اسماعیل زاده مقدم^۱، منوچهر دست‌فال^۲، سید محمود طبیب غفاری^۳، سیدبهرام اندرزبان^۴، منوچهر سیاح‌فر^۵، خالد میری^۶، شیرعلی کوهکن^۷ و علی‌رضا عسکری کلستانی^۸

۱- استاد، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات و آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
 ۲- مربی، تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران
 ۳- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی صفی‌آباد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، دزفول، ایران
 ۴- دانشیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اهواز، ایران
 ۵- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران
 ۶- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی بلوچستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایرانشهر، ایران
 ۷- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی سیستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زابل، ایران
 ۸- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران
 (نویسنده مسوول: ar.askary@areeo.ac.ir)

صفحه ۱۳ تا ۲۴

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۲/۲۵

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۱۱/۲۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: تولید ارقام دارای عملکرد بالا و پایدار مهم‌ترین هدف برنامه‌های اصلاحی محصولات زراعی از جمله گندم نان می‌باشد. امروزه گندم یکی از مهمترین محصولات است که در ایران کشت می‌شود. عملکرد نهایی هر محصول بوسیله پتانسیل ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط تعیین می‌شود. مطالعات اثر متقابل ژنوتیپ×محیط می‌تواند به تعیین انتخاب یک یا چند ژنوتیپ پایدار با عملکرد بالا در طیف وسیعی از محیط‌ها کمک کند. روش‌های مختلفی (تک متغییره و چند متغییره) برای ارزیابی اثرات متقابل معرفی شده است که هر یک ماهیت اثر متقابل را از دیدگاه مشخصی بررسی می‌کند. نتایج روش‌های مختلف ممکن است با هم یکسان نباشند، اما بهترین نتیجه زمانی حاصل می‌شود که یک ژنوتیپ با روش‌های مختلف ارزیابی، نتیجه مشابهی از نظر پایداری نشان دهد. روش‌های تک متغییره تصویر کاملی از ماهیت پیچیده و چند بعدی اثر متقابل ژنوتیپ×محیط ارائه نمی‌کنند، از این‌رو استفاده از روش‌های چند متغییره برای رفع این مشکل پیشنهاد شده است. در بین روش‌های چند متغییره، روش ژنوتیپ×ژنوتیپ×محیط از اهمیت بیشتری برخوردار می‌باشد. بنابراین، این مطالعه به‌منظور شناسایی بهترین لاین‌های امیدبخش گندم نان پایدار برای اقلیم گرم و خشک توسط روش بای‌پلات ژنوتیپ×ژنوتیپ×محیط انجام شد.

مواد و روش‌ها: سازگاری و پایداری ۳۷ لاین امیدبخش گندم نان به‌همراه ۳ شاهد (چمران ۲، مهرگان و سارنگ) در ۱۰ محیط مورد ارزیابی قرار گرفتند. آزمایش با استفاده از طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دو فصل زراعی (۱۳۹۹-۱۴۰۰ و ۱۴۰۱-۱۴۰۰) در پنج ایستگاه تحقیقاتی (داراب، اهواز، دزفول، خرم‌آباد و زابل) اجرا شد. در مزرعه هر کرت با تراکم چهارصد و پنجاه بذر در مترمربع کشت شد. هریک از ژنوتیپ‌ها در کرت‌هایی با شش خط پنج متری با فاصله خطوط ۲۰ سانتی‌متر کاشته شد. در پایان فصل محصول سنبله‌های شش ردیف پنج متری از هر کرت به‌وسیله کمباین وینتراشایگر برداشت شد و وزن دانه‌های به‌دست آمده توسط ترازوی دیجیتال اندازه‌گیری و در هکتار گزارش شد. برای عملکرد دانه، داده‌ها مورد تجزیه واریانس مرکب قرار گرفتند. از روش آماری بای‌پلات ژنوتیپ×ژنوتیپ×محیط با مدل اثر ژنوتیپ + برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط برای ارزیابی پایداری و سازگاری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مورد بررسی استفاده شد. از نرم‌افزار SPSSv22 برای تجزیه مرکب و از نرم‌افزار GGE-Biplot برای تجزیه داده‌های آزمایشی به‌روش گرافیکی ژنوتیپ×ژنوتیپ×محیط استفاده شد.

یافته‌ها: آزمون کولموگراف اسمیرنوف جهت بررسی آزمون خطای باقیمانده‌ها در هر محیط انجام گرفت. نتایج آن در مورد هر محیط، به‌طور جداگانه نشان داد که باقیمانده داده‌ها در کلیه محیط‌ها نرمال بودند. نتیجه آزمون بارتلت برای محیط‌ها، همگن بودن واریانس خطاها را نشان داد، از این‌رو می‌توان تجزیه مرکب را انجام داد. تجزیه واریانس مرکب داده‌ها نشان داد که اثرات اصلی محیط، ژنوتیپ و برهم‌کنش ژنوتیپ×محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بود. ۷۰/۱۲ درصد تغییرات مربوط به اثر محیط، ۱/۲۴ درصد مربوط به اثر ژنوتیپ و ۹/۵۷ درصد تغییرات مربوط به برهم‌کنش ژنوتیپ×محیط بود. معنی‌دار شدن اثرات متقابل در این مطالعه نشان داد که ژنوتیپ‌ها در محیط‌های متفاوت پاسخ‌های متفاوتی نشان داده و به‌عبارت دیگر اختلاف بین ژنوتیپ‌ها از محیطی به محیطی دیگر یکسان نیست و در این شرایط پایداری عملکرد دانه می‌تواند مورد ارزیابی قرار گیرد. نتایج نشان داد که دو مؤلفه اول در مجموع ۵۴ درصد از کل تنوع زراعی موجود بین داده‌ها را توجیه کردند. مؤلفه اصلی اول ۲۹ درصد و مؤلفه اصلی دوم ۲۵ درصد از واریانس موجود بین داده‌ها را توجیه کردند. بای‌پلات ژنوتیپ×ژنوتیپ×محیط به‌دست آمده در آزمایشات چند محیطی منجر به شناسایی ۴ ابر محیط و ۵ ژنوتیپ برتر شد. نمودار چندضلعی حاصل، نشان داد که ژنوتیپ‌های G27، G29، G21، G31 و G32 که در رؤس چندضلعی قرار داشتند، ژنوتیپ‌های برتر بودند. نتایج بای‌پلات مختصات محیط متوسط در این تحقیق نشان داد که ژنوتیپ‌های G28، G29 و G16 دارای عملکرد دانه و پایداری عملکرد بالا بودند. بررسی بای‌پلات همبستگی بین محیط‌ها نشان داد که بردارهای محیطی مناطق اهواز و زابل دارای زاویه نزدیک به ۹۰ درجه بود که نشان‌دهنده عدم تشابه این دو منطقه است. همچنین نتایج نشان داد که کلیه محیط‌ها دارای قابلیت تمایز بالایی بوده و توانستند تفاوت‌های بین ژنوتیپ‌ها را به‌خوبی آشکار کنند. بر اساس نتایج حاصله، می‌توان محیط زابل را به‌عنوان محیط مطلوب جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر گندم نان معرفی کرد.

نتیجه‌گیری کلی: در مجموع با توجه به تغییرات اقلیمی در کشور به‌خصوص در مناطق گرم و خشک جنوب کشور، لزوم استفاده از ارقام پایدار با پتانسیل عملکرد بالا همواره مطرح است. این مطالعه به‌وضوح و به‌راحتی به شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و برتر به‌صورت گرافیکی کمک کرده است. اصلاح‌گرهای گندم در سراسر جهان ارقام اصلاحی برای مناطق مختلف جغرافیایی و اقلیمی کشاورزی در نظر می‌گیرند. سازگاری عمومی ارقام برای چندین منطقه در این مطالعه شناسایی شد. در این بررسی، محیط زابل را می‌توان به‌عنوان محیط مطلوب جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر گندم نان معرفی کرد. در نهایت توصیه می‌شود ژنوتیپ‌های G29، G28 و G16 پس از تکثیر بذر و انتخاب برترین آنها در شرایط مزرعه، وارد آزمایشات تحقیقی و ترویجی گردد و در نهایت وارد فرایند معرفی ارقام جدید گندم نان نمود. همچنین نتایج به‌دست‌آمده در این مطالعه کارایی روش بای‌پلات ژنوتیپ×ژنوتیپ×محیط را برای انتخاب ارقام پر محصول و پایدار نشان داد.

واژه‌های کلیدی: برهم‌کنش ژنوتیپ×محیط، پایداری، لاین‌های امید بخش

مقدمه

تقریباً ۹۰ تا ۹۵ درصد تولید گندم در سراسر جهان از گندم نان (*Triticum aestivum* L.) تشکیل شده است که یکی از محصولات اصلی برای امنیت غذایی جهانی است. گندم با تولید جهانی بیش از ۷۰۰ میلیون تن، حدود ۲۰ درصد از کل کالری و پروتئین‌های روزانه را برای ۴/۵ میلیارد نفر در سراسر جهان تامین می‌کند (Ye et al., 2019). از آنجایی که حجم تجارت بین‌المللی گندم بیشتر از مجموع سایر محصولات اصلی غذایی است (Bilgrami et al., 2020)، جایگاه اصلی را در تغذیه انسان به خود اختصاص داده و نقش مهمی در اقتصاد ملی کشورهای در حال توسعه ایفاء می‌کند. برای ارضای تقاضای فزاینده غذای جمعیت رو به رشد جهان، دستیابی به تولید بالا از طریق بهبود عملکرد گندم، تقاضای قرن بیست و یکم است، زیرا سطح زمین قابل کشت فراتر از سطح فعلی افزایش نخواهد یافت (Crespo-Herrera et al., 2018). معمولاً مهم‌ترین جنبه‌ای که در تولید لاین‌های امیدبخش محصولات زراعی علاوه بر پتانسیل عملکرد مورد توجه قرار می‌گیرد بحث پایداری در مورد صفت مهمی مانند عملکرد دانه است. هدف نهایی اصلاح‌کنندگان گیاهان در برنامه بهبود محصول، توسعه ژنوتیپ‌هایی است که می‌توانند با طیف گسترده‌ای از محیط‌های متنوع سازگار شوند (Begna, 2020). تجزیه و تحلیل پایداری عملکرد را می‌توان برای یافتن ژنوتیپ‌هایی انجام داد که عملکرد آن‌ها در طیف وسیعی از محیط‌ها پایدار است (Adjebeng-Danquah et al., 2017). از این‌رو، مقایسه عملکرد در بین محیط‌ها می‌تواند به شناسایی ژنوتیپ‌های گندم که بهترین عملکرد را در محیط‌های هدف دارند و آن‌هایی که بیشترین سازگاری را با محیط‌های متعدد دارند، کمک کند (Kaya et al., 2006).

درک تعامل بین عملکرد ژنوتیپ (G^1) و محیط (E^1) و همچنین برهم‌کنش بین این دو ($G \times E$)، کلید بهبود بهره ژنتیکی است (Altieri et al., 2015). به‌طور خاص، پایداری یک ژنوتیپ، سازگاری آن‌را در عملکرد در بین محیط‌ها برای صفات مهم اقتصادی مانند عملکرد دانه نشان می‌دهد و در محیط‌هایی که شرایط به‌طور دوره‌ای متفاوت است از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Kahiluoto et al., 2019). برهم‌کنش ژنوتیپ و محیط از نظر آماری غیرافزایشی است و این مطلب نشان می‌دهد که احتمالاً تفاوت در عملکرد بین ژنوتیپ‌ها به محیط بستگی دارد (Yan et al., 2019). در نتیجه، راهبردهای انتخاب براساس میانگین عملکرد یک ژنوتیپ در یک محیط خاص بی‌اثر هستند. این امر منجر به تمرکز بیشتر بر پایداری فنوتیپی در برنامه‌های اصلاحی (Lin et al., 1986) و همچنین درک و کاربرد بهتر رویکردهای پایداری مختلف شده است. با توجه به نتایج تحقیق سماکولا و دیکسون (Ssemakula & Dixon, 2007)، تنوع قابل توجه اثر متقابل ژنوتیپ×محیط، رابطه بین ژنوتیپ و مفادیر فنوتیپی را کاهش می‌دهد و دقت تخمین عملکرد را کاهش می‌دهد (Ceccarelli et al., 1996). مدل‌های رگرسیون خطی تک متغیره (Eberhart and Russell, 1966) و مدل‌های چند متغیره و مدل AMMI

(Zobel et al., 1988) و تجزیه ژنوتیپ×ژنوتیپ-محیط GGE^2 (Yan, 2001) برای مطالعه و تفسیر برهم‌کنش ژنوتیپ×محیط استفاده شده‌اند. در میان این روش‌ها، بای‌پلات GGE بیشتر تفسیری است و به‌عنوان یک روش ابتکاری برای تجزیه و تحلیل و تجسم الگوی GEI در مطالعات چند محیطی (Jandong et al., 2011) شناخته شده است و به‌عنوان یک ابزار ترجیحی در تجزیه و تحلیل ابر محیط‌ها، ارزیابی ژنوتیپ‌ها، ارتباط صفات، و تجزیه و تحلیل الگوی هتروتیک شناخته شده است (Zhang et al., 2016). یان و همکاران (Yan et al., 2000) نشان دادند که بای‌پلات GGE نسبت به بای‌پلات AMMI در تجزیه و تحلیل ابر محیطی و ارزیابی ژنوتیپ برتری داشت. مدل $G + G \times E$ (GGE Biplot)، توسط یان و همکاران (Yan, 2001) نشان داده است که ابزار مؤثری در ارزیابی عملکرد است (Bocci et al., 2020). بسته به پیچیدگی داده‌ها، GGE Biplot می‌تواند برای تجزیه و تحلیل ابر محیطی (الگوی "Which-won-where"، به‌موجب آن ژنوتیپ‌های خاص را می‌توان به ابر محیط‌های خاص توصیه کرد)، ارزیابی ژنوتیپ (میانگین عملکرد و پایداری) و ارزیابی آزمایشی-محیطی استفاده کرد (Bocci et al., 2020).

استفاده از GGE بای‌پلات در بسیاری از تحقیقات به‌منظور بررسی برهم‌کنش ژنوتیپ×محیط در مورد گندم نان گزارش شده است (Saeidnia et al., 2023; Bosi et al., 2022; Bayissa et al., 1997; Goungor et al., 2022). هدف از این پژوهش ارزیابی برهم‌کنش ژنوتیپ×محیط به‌کمک تجزیه گرافیکی GGE بای‌پلات، در نتیجه شناسایی لاین‌های امیدبخش با عملکرد برتر و محیط‌های پایدار است که با شناسایی و معرفی لاین‌های برتر در مناطق گرمسیر کشور بتوان گامی در جهت رفع نیازهای کشور به تولید گندم نان برداشت.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق ۳۷ لاین امیدبخش گندم نان به‌همراه ۳ شاهد چمران ۲، سارنگ و مهرگان در ۶ ایستگاه تحقیقاتی کشاورزی داراب، دزفول، خرم‌آباد، زابل و اهواز در سال‌های زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۰ و ۱۴۰۰-۱۴۰۱ کشت و ارزیابی شدند. لازم به ذکر است که این لاین‌ها از آزمایشات پیشرفته گندم نان انتخاب گردیده‌اند. نام و شجره ژنوتیپ‌ها در جدول شماره ۱ آورده شده است. ترکیب سال‌ها (۲ سال) و منطقه (۵ منطقه) جمعاً ۱۰ محیط (E1 (سال اول) و E6 (سال دوم): اهواز، E2 (سال اول) و E7 (سال دوم): داراب، E3 (سال اول) و E8 (سال دوم): دزفول، E4 (سال اول) و E9 (سال دوم): خرم‌آباد، E5 (سال اول) و E10 (سال دوم): زابل) را تشکیل دادند. ژنوتیپ‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در کرت‌های ۶ مترمربع با استفاده از دستگاه کاشت آزمایشی وینتراشتاگر تعداد بذر مصرفی ۴۵۰ عدد در مترمربع با در نظر گرفتن وزن هزارانه هر ژنوتیپ کشت شدند. تاریخ کاشت بسته به منطقه از ۱۵ آبان تا ۲۵ آذر متغیر بود. آماده‌سازی زمین با استفاده از شخم و دیسک صورت گرفت. کودهی براساس آزمون خاک و و جین علف‌های هرز

در این پژوهش از نمودار مختصات محیط متوسط (Average Environment Coordinate; AEC) به منظور بررسی همزمان عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده گردید. در این نمودار، محور افقی که دارای یک پیکان است از مبدأ مختصات عبور می‌کند. تصویر ژنوتیپ‌ها روی این محور، تقریبی از عملکرد ژنوتیپ‌ها می‌باشد. این محور به نام محور میانگین محیط می‌باشد. همچنین محور عمودی نشان‌دهنده پایداری است و هر ژنوتیپی که به این محور نزدیک بود، از پایداری بالاتری برخوردار بود (Yan *et al.*, 2000). ژنوتیپ‌هایی که در سمت راست محور عمودی AEC قرار گرفتند، دارای عملکرد بالاتر از میانگین عملکرد کل و ژنوتیپ‌هایی که در سمت چپ این محور قرار گرفتند، عملکردی کمتر از میانگین عملکرد کل را دارا بودند. تجزیه واریانس مرکب، آزمون کای دو و آزمون کولموگراف اسمیرنوف با استفاده از برنامه SPSS v22 و رسم نمودارهای GGE بای‌پلات با استفاده از نرم‌افزار GGE-biplot v6.3 صورت گرفت.

به صورت شیمیایی و دستی صورت گرفت. بررسی پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش‌های چند متغیره GGE بای‌پلات انجام شد. تعیین ژنوتیپ‌ها با عملکرد بالا و پایدار و شناسایی ابر محیط‌ها با استفاده از مدل آماری رابطه ۱ انجام شد:

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

در مدل بالا Y_{ij} میانگین i امین ژنوتیپ در j امین محیط، μ میانگین کل، β_j میانگین اثر محیط j ام، λ_1 و λ_2 مقادیر ویژه برای اولین و دومین مؤلفه، ξ_{i1} و ξ_{i2} بردارهای ویژه ژنوتیپی و η_{j1} و η_{j2} بردارهای محیطی مؤلفه اول و دوم و ε_{ij} مقدار باقی‌مانده برای ژنوتیپ i ام در محیط j ام هستند. مدل استفاده شده در GGE بای‌پلات براساس رابطه ۲ می‌باشد:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_i e_{1j} + g_i e_{2j} + \varepsilon_{ij} \quad (2)$$

در مدل بالا g_i و e_{1j} نمره‌های اولیه برای ژنوتیپ i و محیط j ، $g_i e_{2j}$ و e_{2j} نمره‌های ثانویه برای ژنوتیپ i و محیط j و ε_{ij} باقی‌مانده برای ژنوتیپ i ام در محیط j ام.

جدول ۱- شماره و شجره ژنوتیپ‌های گندم نان

Table 1. Entry number and Pedigree at bread wheat genotypes.

Pedigree	شجره	شماره ژنوتیپ	Genotype No.
Chamran 2			G1
Gasconne/3/Nai60/Hn7//Sy/4/WS-85-10			G2
Gasconne/3/Nai60/Hn7//Sy/4/WS-85-10			G3
CMH80-279/Pastor/Sivand/3/WS-85-10			G4
Darab2/FISCAL/4/Alvd/Aldan/Ias/3/Flt			G5
Falat/3/Pastor/Tabasi/Cham/4/Debira			G6
ATTILA 50Y/ATTILA/BCN/3/KAPSW/SUHA-17/4/TNNU/MILAN			G7
DEBEIRA/MILAN/PASTOR/4/URES/BOW//OPATA/3/HD2206/HORK'S			G8
NELOKI/SOKOLL/EXCALIBUR			G9
NELOKI/SOKOLL/EXCALIBUR			G10
BECARD/AKURI*2/3/KINGBIRD #1//INQALAB 91*2/TUKURU			G11
TACUPETO F2001/6/CNDO/R143/ENTE/MEX1_2/3/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/4/WEAVER/5/PASTOR/7/ROLF07*2/8/SAUAL/YANAC/SAUAL			G12
SUP152/6/OASIS/5*BORL95/5/CNDO/R143/ENTE/MEX175/3/AE.SQ/4/2*OCI			G13
SUP152/6/OASIS/5*BORL95/5/CNDO/R143/ENTE/MEX175/3/AE.SQ/4/2*OCI			G14
CETA/AE.SQUARROSA (435)/2*BECARD			G15
AMUR/3/KINGBIRD #1//INQALAB 91*2/TUKURU/4/AMUR			G16
BABAX/LR42/BABAX*2/3/KUKUNA/4/CROSBILL #1/5/BECARD/6/KFA/2*KACHU			G17
BABAX/LR42/BABAX*2/3/SHAMA/4/KINGBIRD #1/5/QUAIU/6/2*COPIO			G18
SITE/MO/PASTOR/3/TILHI/4/WAXWING/KIRITATI/5/KACHU #1/KIRITATI/KACHU			G19
TACUPETO F2001/SAUAL/BLOUK #1/3/SAUAL/YANAC/SAUAL/4/TACUPETO F2001/SAUAL/BLOUK #1			G20
FRET2/KUKUNA//FRET2/3/YANAC/4/FRET2/KIRITATI/5/MUU #1//PBW343*2/KUKUNA/3/MUU/6/BORL14			G21
Pishtaz/Falat/Barakat/3/IRENA/BABAX/PASTOR			G22
Pishtaz/Falat/Barakat/3/IRENA/BABAX/PASTOR			G23
Pishtaz/Falat/Barakat/4/OASIS/KAUZ/4*BCN/3/2*PASTOR			G24
Pishtaz/Falat/Barakat/4/OASIS/KAUZ/4*BCN/3/2*PASTOR			G25
Pishtaz/Falat/Barakat/4/OASIS/KAUZ/4*BCN/3/2*PASTOR			G26
Pishtaz/Falat/Barakat/4/OASIS/KAUZ/4*BCN/3/2*PASTOR			G27
PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Baaz			G28
PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Baaz			G29
PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Baaz			G30
PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Baaz			G31
PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR/6/Baaz			G32
Mehregan			G33
WBL4//OAX93.24.35/WBL1/5/CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//BORL95/3/PRL/SARA//TSI/VEE#5/4/FRET2			G34
REH/HARE//2*BCN/3/CROC/AE.SQUARROSA(213)//PGO/4/HUTES/5/T.SPELTAPI348599/6/REH/HARE//2*BCN/3/CROC_1/AE.SQUARROSA(213)//P			G35
GO/4/HUTES/7/QUAIU/8/2*QUAIU#1/SOLALA/QUAIU #2			G36
WBL1//PUB94.15.1.12/WBL1/3/MUCUY			G37
C80.1/3*BATAVIA/2*WBL1/3/ATTILA/3*BCN*2//BAV92/4/WBL1*2/KURUKU/5/IWA 8600211//2*PBW343*2/KUKUNA/6/MUCUY			G38
SHAKTI/5/WHEAR/KIRITATI/3/C80.1/3*BATAVIA/2*WBL1*2/4/KIRITATI/2*TRCH/6/BECARD/KIRITATI/2*TRCH/3/BECARD			G39
QUAIU #1/3/T.DICOCCON P194625/AE.SQUARROSA (372)//3*PASTOR/4/QUAIU#2*2/5/SUP152/BECARD			G40
Sarang			G40

آزمایش رفتار متفاوتی داشت که دلالت بر تنوع ژنتیکی و امکان انتخاب ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه بالا و پایداری عملکرد دارد. بنابراین، می‌توان پایداری عملکرد دانه و تجزیه برهمکنش ژنوتیپ×محیط باید مورد بررسی قرار گیرد (Gauch *et al.*, 1997).

برهمکنش ژنوتیپ × محیط، انتخاب بهترین و مناسب‌ترین ژنوتیپ با پایداری عملکرد خوب را دشوار می‌کند زیرا کارایی انتخاب را در برنامه‌های اصلاح نباتات کاهش می‌دهد. الگوی مشاهده شده برهمکنش ژنوتیپ×محیط برای عملکرد دانه در آزمایشات عملکرد گندم نان، فرضیه حضور ژنوتیپ‌های گندم نان سازگار را در ایران تأیید می‌کند. تانین و همکاران (Tanin *et al.*, 2022) گزارش کردند که واکنش

نتایج و بحث

پیش از تجزیه واریانس مرکب، آزمون کولموگروف اسمیرنوف جهت بررسی آزمون خطای باقی‌مانده‌ها در هر محیط انجام گرفت. نتایج آن در مورد هر محیط، به‌طور جداگانه نشان داد که باقی‌مانده داده‌ها در کلیه محیط‌ها نرمال بودند (جدول ۲). نتیجه آزمون بارتلت برای محیط‌ها، همگن بودن واریانس خطاها را نشان داد، از این رو می‌توان تجزیه مرکب را انجام داد (مقدار آزمون کای دو ۱۴/۲۱ و غیر معنی‌دار). نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که اثر محیط، ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ×محیط معنی‌دار هستند (جدول ۳). برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ×محیط نشان داد که حداقل یک ژنوتیپ گندم نان، حداقل در یکی از محیط‌های

حاکمی از آن هستند که محیط بیشترین تغییرات را به خود اختصاص می‌دهد (Ebem *et al.*, 2021; Bayissan *et al.*, 2023; Tadesse *et al.*, 2017). علت کم اثر ژنوتیپ در توجیه این تنوع، را این طور می‌توان توضیح داد که در انتخاب‌های برنامه‌های اصلاحی سال‌های گذشته، ژنوتیپ‌های برتر انتخاب شدند و این ژنوتیپ‌ها از لحاظ عملکرد نزدیک به همدیگر می‌باشند (Mohammadi *et al.*, 2015).

ژنوتیپ‌های مختلف معمولاً به علت پاسخ متفاوت ژن‌ها در محیط‌های مختلف می‌باشد. محاسبه درصد مجموع مربعات نشان داد که عمده تغییرات موجود بین داده‌ها به وسیله محیط‌ها و پس از آن برهمکنش ژنوتیپ×محیط توجیه شده است. برهمکنش ژنوتیپ×محیط ارتباط بین ژنوتیپ و محیط را کاهش می‌دهد و بازتاب طیف وسیع‌تری از اثرات اصلی محیطی نسبت به اثرات اصلی ژنوتیپ است (Ebem *et al.*, 2015; Melkamu *et al.*, 2021). گزارش‌های متعددی

جدول ۲- آزمون کولموگروف اسمیرنوف جهت بررسی نرمال بودن خطاهای آزمایشی در گندم نان

Table 2. Kolmogorov-Smirnov test for normality of experimental errors in bread wheat

Test statistic	آزمون آماری	Location (مکان)
2021-2022	2020-2021	AhVaz اهواز
0.1 ^{ns}	0.05 ^{ns}	Darab دازاب
0.1 ^{ns}	0.05 ^{ns}	Dezful دزفول
0.07 ^{ns}	0.05 ^{ns}	Khoramabad خرم‌آباد
0.07 ^{ns}	0.07 ^{ns}	Zabol زابل
0.1 ^{ns}	0.09 ^{ns}	

^{ns}: non significant^{ns}: تفاوت غیرمعنی‌دار

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب صفت عملکرد دانه در ۴۰ ژنوتیپ گندم نان در دو سال (۱۳۹۹-۱۴۰۱)

Table 3. Combined analysis of variance for grain yield trait in 40 Genotypes of wheat in during two years (2019-2021)

Source of Variance (منابع تغییرات)	df	مجموع مربعات	میانگین مربعات	واریانس توجیه شده
Environment	9	2624295548.00	291588394.2**	70.12
Block (E)	30	295984406.50	9866146.88**	7.90
Genotype (G)	39	46697526.49	1197372.47**	1.24
G×E	351	358247163.00	1020647.18**	9.57
Error	1170	417034205.30	356439.49	11.14
Total	1600	3742258849		
C.V. (%)				12.04

* and **: Significant at P<0.05 and P<0.01 probability levels, respectively

* و **: به ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال P<0.05 و P<0.01

جدول ۴- میانگین ژنوتیپ‌های مختلف گندم نان در محیط‌های مورد بررسی

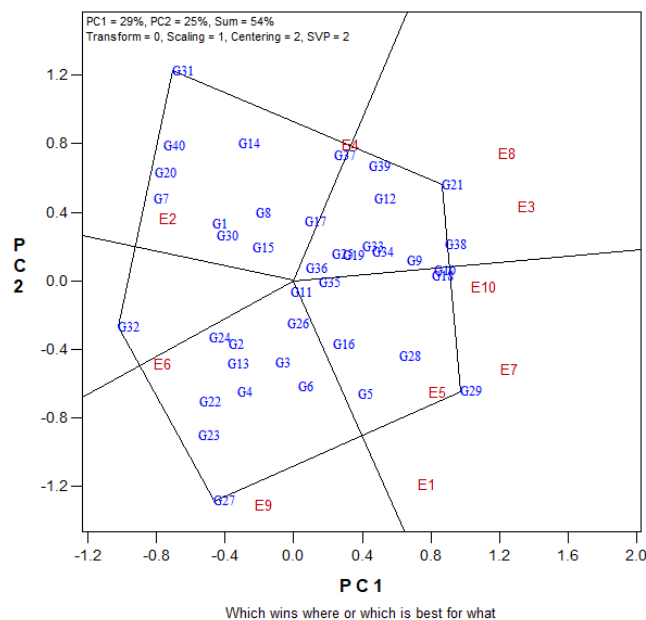
Table 4. The average of different genotypes of bread wheat in the investigated environments

Genotype (ژنوتیپ)	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10
G1	3883.8	4064.6	4181.5	4406.3	4978.8	3940.2	4683.3	6644.5	7930.0	3413.2
G2	4542.1	4183.3	4288.5	3820.8	4996.0	3980.6	4989.2	6078.0	8239.6	3408.0
G3	5245.0	4197.9	4460.5	3952.1	4933.8	4370.8	5268.3	6729.5	7812.5	3047.6
G4	5054.2	3993.8	4086.5	4012.5	4723.5	4717.3	5445.0	6541.3	7851.7	3227.4
G5	4579.2	3958.3	4068.5	3629.2	5766.8	3530.1	5655.0	6968.3	8346.7	3829.9
G6	4694.0	4302.1	4241.0	3781.3	5069.3	4714.4	6138.3	6317.0	7598.8	3616.0
G7	4313.2	3854.2	3768.5	4933.3	4464.8	4561.8	4255.8	6527.0	6729.2	3586.8
G8	4505.8	4654.2	4125.0	4441.7	5293.5	3067.1	5051.7	6472.8	6906.3	3486.1
G9	4588.8	3889.6	4561.5	4177.1	5516.8	3776.5	5332.5	8533.8	8062.5	3253.5
G10	4560.8	3983.3	4735.0	4743.8	5548.0	4267.2	5635.0	8116.3	8281.7	3486.1
G11	4408.3	4033.3	4189.5	3933.3	5235.3	4288.1	5004.2	7244.5	7692.5	3692.7
G12	4010.8	3904.2	4617.5	4139.6	5372.8	4186.5	5375.0	7473.0	6909.2	3616.3
G13	4582.5	3554.2	3991.0	4037.5	4600.3	5016.3	5558.3	6660.3	7588.7	3138.9
G14	3638.8	4006.3	4419.5	4795.8	3958.0	5407.5	5155.8	7137.8	7114.6	3670.1
G15	4015.4	3912.5	4250.0	4572.5	4572.5	3887.0	5315.8	6390.3	7542.1	3519.1
G16	5077.5	4268.8	4619.5	3293.8	4453.3	3837.3	5383.3	6657.0	7776.3	3635.4
G17	4325.8	3818.8	4118.5	4239.6	4774.0	3854.6	5460.0	7041.0	6510.8	3470.5
G18	4629.2	4179.2	4533.0	4412.5	5183.3	4320.8	6107.5	7683.8	7377.5	3850.7
G19	4399.6	3960.4	4305.5	3883.3	5180.0	3901.2	5559.2	7014.5	6708.3	3574.7
G20	3686.7	4466.7	4064.5	4018.8	5339.8	4376.0	4574.2	6903.0	6835.0	3250.0
G21	4580.4	3847.9	4564.5	4402.1	5228.0	3300.2	5153.3	8203.0	7034.2	3724.0
G22	4577.1	3918.8	3927.5	5108.3	4992.5	5562.0	5533.3	5688.8	8307.1	3588.5
G23	4825.8	4112.5	3950.5	3858.3	5077.5	4684.5	5105.0	5689.5	8330.8	3696.2
G24	3949.6	4070.8	4127.0	4427.1	4954.5	4288.6	5180.0	6224.5	9265.8	3496.5
G25	4675.4	4047.9	4213.0	4637.5	5020.5	4062.3	5875.8	6230.3	6028.7	3663.2
G26	4898.8	4322.9	4192.0	3731.3	4141.5	3868.3	5449.2	7439.3	8344.2	3510.4
G27	4511.3	4156.3	4130.0	3277.1	5259.8	4872.1	5711.7	6680.3	10000.0	3099.0
G28	5428.3	3412.5	4328.5	5235.4	4442.3	4137.0	5585.0	7535.5	8505.4	3446.2
G29	4836.3	3420.8	4386.5	4070.8	5444.0	4149.0	5920.0	7813.0	8422.1	3805.6
G30	4614.2	4070.4	4325.0	3720.8	3430.0	4254.5	4706.7	6973.8	7523.8	3487.9
G31	3696.7	4281.3	4350.0	4160.4	3552.0	3827.0	5020.8	6984.5	6354.2	2887.2
G32	4735.8	4531.3	4152.0	4041.7	3983.3	4347.6	4532.5	9393.7	9393.7	2918.4
G33	4679.6	4325.0	4143.0	4604.2	5459.0	4183.3	5532.5	7667.0	6848.8	3876.7
G34	4633.8	4170.8	4397.5	4452.1	4511.8	3866.7	5719.2	7356.3	7578.3	3802.1
G35	4602.5	3922.9	4162.0	4035.4	4821.8	4856.8	5446.7	7505.3	6890.8	3758.7
G36	4790.8	3735.4	4396.5	3420.8	3630.0	4449.1	5312.5	7682.8	7166.2	3406.3
G37	4176.7	4035.4	4441.0	4847.9	4086.3	3846.5	5896.7	7419.5	6989.6	3263.9
G38	4727.9	4122.9	4578.5	4195.8	4846.8	3094.4	5673.3	7387.0	7427.5	3980.9
G39	4323.8	3950.0	4567.0	5756.3	4681.8	4412.0	5522.5	7767.0	7649.2	3423.6
G40	3637.9	4568.8	3918.0	4377.1	3801.8	4809.3	5367.5	7641.0	7325.8	3418.4

محیط نزدیک به هم هستند و محیط‌های با حداقل اثر متقابل در یک ابر محیط قرار می‌گیرند. در طرف مقابل محیط‌هایی که در ابر محیط‌های مختلف قرار می‌گیرند دارای اثر متقابل متقاطع نسبت به هم هستند (Kang and Yan, 2003). با توجه به نتایج این تحقیق، می‌توان نتیجه گرفت که هر دو نوع اثر متقابل در آزمایش‌های چندمحیطی گندم نان وجود دارد. در یک برنامه اصلاحی زمانی که اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از نوع غیرمتقاطع باشد، می‌توان از آن چشم‌پوشی کرد و تنها بر پایه عملکرد تصمیم گرفت؛ اما اگر اثر متقابل از نوع متقاطع باشد، باید اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را به‌طور هم‌زمان در نظر گرفت و نباید فقط اثر ژنوتیپ را در نظر گرفت. نوع برهمکنش در گندم نان گزارش گردیده است. محققین مختلفی از این بای‌پلات جهت شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و مشخص کردن محیط‌های ابر محیط در گیاه گندم استفاده کردند (Bayissa et al., 2023; Bishwas et al., 2021). کریمی‌زاده و همکاران (Karimzadeh et al., 2020) از نمودار چندضلعی برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در گندم استفاده کردند. آنها گزارش کردند که ۱۹ لاین امیدبخش مورد بررسی در ۵ ابر محیط قرار گرفتند. همچنین آنها هر دو نوع اثر متقابل در آزمایش‌های محیطی گندم نان را گزارش دادند که نتایج این تحقیق را تأیید کرد. همچنین آبیار و همکاران (Abyar et al., 2022) ۱۵ لاین امیدبخش گندم نان را در ۵ ابر محیط گروه‌بندی کردند و همچنین هر دو نوع اثر متقابل را گزارش کردند. در این تحقیق ژنوتیپ‌های G31، G32، G40 و جزء ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه بودند و ژنوتیپ‌های G18، G21، G29 و G39 جزء ژنوتیپ‌های برتر از لحاظ عملکرد دانه بودند.

داده‌ها در این مطالعه، به‌وسیله تجزیه و تحلیل GGE بای‌پلات (Yan et al., 2000) به‌عنوان یک مدل مناسب جهت تجزیه و تحلیل داده‌های آزمایشی چند محیطی بررسی شدند. زمانی که مدل GGE برازش شد، دو مؤلفه اول ۵۴ (مؤلفه اول: ۲۹ درصد و مؤلفه دوم ۲۵ درصد) از مجموع مربعات GGE را برای آزمایش‌های چند محیطی توجیه کردند (شکل ۱).

در بای‌پلات چندضلعی شکل ۱ ژنوتیپ‌های G21، G31، G29، G27 و G32 در رئوس این چندضلعی قرار گرفته‌اند که بیشترین فاصله را از مبدأ این چندضلعی، دارا می‌باشند. این بای‌پلات ۴ ابر محیط ایجاد کرد که هیچ ژنوتیپی در هر ۴ ابر محیط بالاترین عملکرد دانه را دارا نبود. اولین ابر محیط (در رأس آن ژنوتیپ G31) شامل محیط‌های E2 و E4، دومین ابر محیط (در رأس آن ژنوتیپ G21) شامل محیط‌های E3 و E8، ابر محیط سوم (در رأس آن ژنوتیپ G29) شامل محیط‌های E1، E5، E7 و E10 و ابر محیط چهارم (در رأس آن ژنوتیپ G27) شامل محیط‌های E6 و E9 بودند. همچنین ژنوتیپ G32 که در رأس یکی از اضلاع قرار گرفت در هیچ‌کدام از ابر محیط‌ها قرار نگرفت که این بیانگر این موضوع است که این ژنوتیپ در اکثر محیط‌های مورد بررسی عملکرد ضعیفی از خود نشان داده است. ژنوتیپ روی رئوس چندضلعی، موجود در یک ابر محیط، دارای بالاترین عملکرد، حداقل در یک محیط و یکی از بهترین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های دیگر هستند (Yan et al., 2002). بقیه ژنوتیپ‌های دیگر در داخل چند ضلعی قرار دارند و بردارهای کوچک‌تری دارند و در رابطه با محیط‌های درون آن بخش کمتری از برهمکنش را دارند. محیط‌هایی که در یک ابر محیط قرار می‌گیرند، از نظر مقادیر متقابل، متناسب ×



شکل ۱- نمای «چند ضلعی» بای‌پلات برای نشان دادن عملکرد بهتر کدام ژنوتیپ گندم نان در کدام محیط از نظر عملکرد دانه
Figure 1. Polygon view of the biplot to show which genotype of wheat performed better in which in terms of grain yield

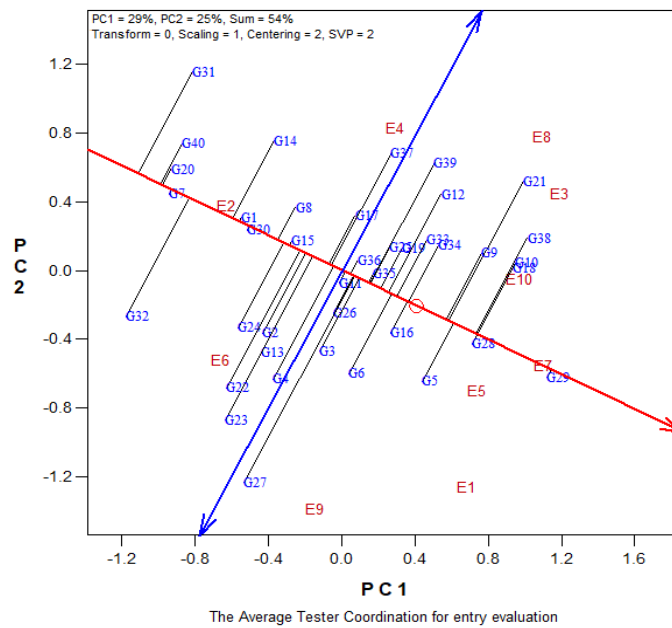
2016)، ارزن (Shiri and Bahrapour, 2015) و گندم نان (Jafari and Farshadfar, 2018) گزارش شده است. اگر عوامل محیطی غیر قابل پیش‌بینی علت اثر متقابل ژنوتیپ×محیط باشند الگوی Which-won-where در سال بعد تکرارپذیر نیست. در آن صورت می‌توان با انتخاب واریته‌های پایدار و پرمحصول اثر متقابل ژنوتیپ×محیط را کاهش داد و حداکثر تولید را داشت (Vikrant *et al.*, 2024). همچنین ویکرانت و همکاران (Vikrant *et al.*, 2024) از این بای‌پلات در جهت انتخاب لاین‌های گندم نان برتر برای برنامه‌های مولکولی آتی استفاده و معرفی کرد.

بررسی همبستگی بین محیط‌ها نیز نشان داد که زاویه بین بردارهای محیطی دو منطقه داراب و زابل کوچک بوده که این نتایج نشان دهنده تشابه این مناطق می‌باشد. همچنین زاویه بین بردارهای مناطق دزفول و اهواز بالاتر از ۹۰ درجه بود که بیانگر همبستگی منفی بین این دو محیط بود. بررسی بای‌پلات همبستگی بین مناطق نیز نشان داد که بردارهای محیطی مناطق اهواز و زابل و اهواز با داراب دارای زاویه نزدیک به ۹۰ درجه بود که نشان‌دهنده عدم تشابه این دو منطقه است (شکل ۴). هر محیطی که کمترین زاویه را با بردار افقی داشته باشد به محیط ایده‌آل نزدیک‌تر و به‌عنوان نماینده خواهد بود. بنابراین، محیط‌های نزدیک به محیط ایده‌آل با طول بردار بلند دارای دو خصوصیت مطلوب توانایی تمایز و قدرت نمایندگی بیشتری است. در این بررسی محیط زابل دارای طول بردار بلند و کمترین فاصله با محیط ایده‌آل را دارد. می‌توان این محیط زابل را به‌عنوان محیط مطلوب جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر گندم نان معرفی کرد (شکل ۵). با توجه به اینکه این تحقیق دو ساله در اقلیم گرم و خشک کشور انجام گرفته است تشابه محیط‌ها با همدیگر کاملاً منطقی می‌باشد. آبیاری و همکاران (Abyar *et al.*, 2023) تعداد ۱۵ لاین امید بخش گندم نان را در ۴ ایستگاه تحقیقات کشاورزی کشور در دو سال را مورد ارزیابی قرار داد. آنها گزارش کردند که محیط مغان نزدیکترین محیط به محیط ایده‌آل فرضی بود و به دلیل داشتن طول بردار بلند که بیانگر توانایی تمایز خوب و نیز قدرت نمایندگی بیشتر است، می‌توان آن را به‌عنوان محیط مطلوب جهت گزینش ژنوتیپ‌های برتر گندم نان معرفی کرد. همچنین در آزمایش آنها اکثر محیط‌های باهم دارای زاویه کمتر از ۹۰ درجه بودند که بیانگر تشابه محیط‌ها با همدیگر بودند که مشابه با نتایج این تحقیق است.

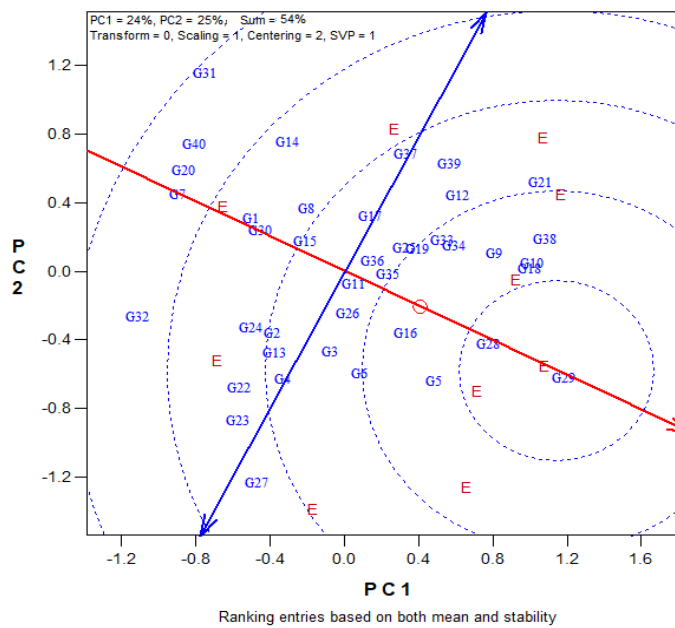
پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها با روش مختصات محیط متوسط (AEC) ارزیابی شد (Yan, 2001; Yan *et al.*, 2000). ژنوتیپ‌هایی که در سمت راست خط دو سر پیکان قرار دارند از نظر عملکرد دانه برتر از میانگین و ژنوتیپ‌هایی که در سمت چپ خط دو سر پیکان قرار دارند عملکرد دانه کمتری نسبت به میانگین دارند. نتایج بای‌پلات نشان داد که ژنوتیپ‌های G9، G5، G38، G10، G18، G28، G29، G16، G21 و G34 به ترتیب بیشترین عملکرد دانه را دارا بودند و ژنوتیپ‌های G40، G31، G20 و G32 به ترتیب با قرار گرفتن در انتهای محور افقی AEC کمترین مقدار عملکرد دانه را دارا بودند (شکل ۳). محور عمودی که از مبدأ مختصات می‌گذرد عمود بر محور میانگین محیط است. این محور بیانگر برهمکنش ژنوتیپ×محیط بوده و پایداری ارقام را تعیین می‌کند. هرچه قدر تصویر ژنوتیپ‌ها روی این محور کوتاه‌تر باشد، نشان‌دهنده پایداری بیشتر آنها هست. ژنوتیپ‌های G29، G28 و G16 که با فاصله کمتری از محور افقی AEC قرار گرفته‌اند، دارای پایداری بالایی بودند. مطابق شکل ۲، G29 و به دنبال آن G28 و G16 به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی با عملکرد دانه بالا و پایداری بالا شناسایی شدند. محققین مختلفی از نمودار مختصات محیط متوسط AEC به منظور شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول استفاده کردند. در ذرت (Setimela *et al.*, 2007)، نخود (Segherloo *et al.*, 2010) و گندم نان (Jafari and Farshadfar, 2018) نیز استفاده شده است. واعظی و همکاران (Vaezi *et al.*, 2017) طی تحقیقی که بر روی ۱۸ لاین امیدبخش جو انجام دادند ۳ لاین امیدبخش را براساس بای‌پلات AEC به‌عنوان لاین‌های پایدار با عملکرد مناسب معرفی کردند. استفاده از تجزیه و تحلیل بای‌پلات GGE با روش AEC اطلاعات بصری خوبی در مورد عملکرد و پایداری ژنوتیپ ارائه می‌دهند.

شکل ۳ رتبه ژنوتیپ‌ها را نسبت به ژنوتیپ ایده‌آل نشان می‌دهد. ژنوتیپ ایده‌آل به‌عنوان بهترین ژنوتیپ در همه محیط‌ها با بالاترین میانگین عملکرد و پایداری کامل محصول تعریف می‌شود. ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپ فرضی است که با دایره کوچک با یک نقطه باریک نشان داده می‌شود (Saeidnia *et al.*, 2023; Yan, 2001). ژنوتیپ‌هایی مطلوب‌تر هستند که به نقطه ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر هستند. تجسم ژنوتیپ ایده‌آل (شکل ۳) نشان داد که G29 و G28 کمترین فاصله را با ژنوتیپ ایده‌آل دارد.

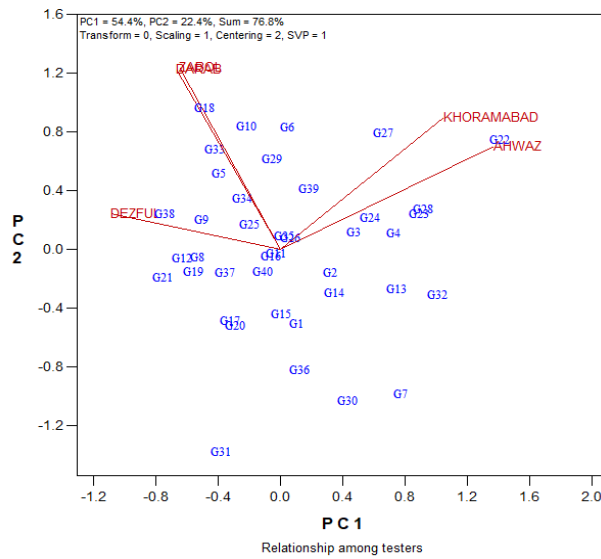
مقایسه ژنوتیپ‌ها با ژنوتیپ ایده‌آل فرضی برای محصولات زراعی مختلف مثل ذرت دانه‌ای (Saleem *et al.*,)



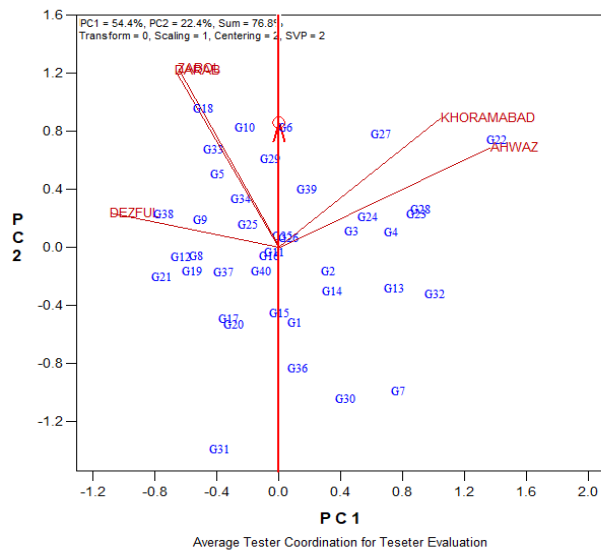
شکل ۲- بای پلات مختصات محیط متوسط برای انتخاب همزمان پایداری و عملکرد لاین‌های امیدبخش گندم نان در محیط‌های مختلف
 Figure 2. Biplot of the average- environment coordination for simultaneously, selection of yield and stability of bread wheat promising lines in different environments



شکل ۳- مقایسه ژنوتیپ‌های گندم نان با موقعیت یک رقم ایده‌آل برای عملکرد دانه و پایداری عملکرد در محیط‌های مختلف
 Figure 3. Comparison of bread wheat genotypes against the position of an 'ideal' variety for grain yield and stability of performance in different environments



شکل ۴- ارزیابی روابط بین محیطها در گندم نان با استفاده از روش گرافیکی
Figure 4. Evaluation of environments relation in bread wheat using of graphical method



شکل ۵- مقایسه محیطهای مورد بررسی با محیط ایده‌آل در گندم نان
Figure 5. Compare the studied environments with the ideal environment in bread wheat

نتیجه‌گیری کلی

به‌عنوان محیط مطلوب جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر گندم نان معرفی کرد. نتایج حاصل از تجزیه پایداری چند متغیره نشان داد که GGE بای‌پلات روش مناسبی برای گزینش همزمان پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها است. در مجموع نتایج GGE بای‌پلات در این تحقیق نشان داد که ژنوتیپ‌های G29، G16 و G28 جزء بهترین لاین‌ها از نظر عملکرد بالا و پایداری عملکرد بودند. این لاین‌ها را می‌توان پس از تکثیر بذر و بررسی‌های تکمیلی و انتخاب برترین آنها در شرایط زارعین، وارد آزمایشات تحقیقی و ترویجی^۱ و در نهایت وارد فرایند معرفی ارقام جدید گندم نان نمود.

در مجموع با توجه به تغییرات اقلیمی در کشور به‌خصوص در مناطق گرم و خشک جنوب کشور، لزوم استفاده از ارقام پایدار با پتانسیل عملکرد بالا همواره مطرح است. این مطالعه به‌وضوح و به‌راحتی به شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و برتر به‌صورت گرافیکی کمک کرده است. اصلاح‌گرهای گندم در سراسر جهان ارقام اصلاحی برای مناطق مختلف جغرافیایی و اقلیمی کشاورزی در نظر می‌گیرند. سازگاری عمومی ارقام برای چندین منطقه در این مطالعه شناسایی شد. در این بررسی، محیط زابل را می‌توان

References

- Abyar, S., Navabpour, S., Karimizadeh, R., Gholizadeh, A., Nasrollahnejad Ghomi, A. A., & Kiani, G. (2023). Graphic analysis of genotype, environment and genotype× environment interaction of seed yield trait in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under dryland conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 16(1), 155-168. [In Persian]
- Adjebeng-Danquah, J., Manu-Aduening, J., Gracen, V. E., Asante, I. K., & Offei, S. K. (2017). AMMI stability analysis and estimation of genetic parameters for growth and yield components in cassava in the forest and Guinea savannah ecologies of Ghana. *International Journal of Agronomy*, 2017(1), 8075846.
- Altieri, M. A., Nicholls, C. I., Henao, A., & Lana, M. A. (2015). Agroecology and the design of climate change-resilient farming systems. *Agronomy for Sustainable Development*, 35(3), 869-890.
- Bayissa, T., Mengistu, G., Gerema, G., Balcha, U., Feyisa, H., Kedir, A., Legese, Z., Asegid, D., Leta, T., & Jobe, T. (2023). Genotype× environment interaction of lowland bread wheat varieties for irrigation in different areas of Oromia. *Plant-Environment Interactions*, 4(1), 2-10.
- Begna, T. (2020). The role of genotype by environmental interaction in plant breeding. *International Journal of Research Studies in Agricultural Sciences*, 8(2), 1-12.
- Bilgrami, S. S., Ramandi, H. D., Shariati, V., Razavi, K., Tavakol, E., Fakheri, B. A., Mahdi Nezhad, N., & Ghaderian, M. (2020). Detection of genomic regions associated with tiller number in Iranian bread wheat under different water regimes using genome-wide association study. *Scientific Reports*, 10(1), 14034.
- Bishwas, K., Poudel, M. R., & Regmi, D. (2021). AMMI and GGE biplot analysis of yield of different elite wheat line under terminal heat stress and irrigated environments. *Heliyon*, 7(6).
- Bocci, R., Bussi, B., Petitti, M., Franciolini, R., Altavilla, V., Galluzzi, G., Di Luzio, P., Migliorini, P., Spagnolo, S., & Floriddia, R. (2020). Yield, yield stability and farmers' preferences of evolutionary populations of bread wheat: A dynamic solution to climate change. *European Journal of Agronomy*, 121, 126156.
- Bosi, S., Negri, L., Fakaros, A., Oliveti, G., Whittaker, A., & Dinelli, G. (2022). GGE biplot analysis to explore the adaption potential of Italian common wheat genotypes. *Sustainability*, 14(2), 897.
- Ceccarelli, S., Grando, S., & Booth, R. H. (1996). International breeding programmes and resource-poor farmers: Crop improvement in difficult environments.
- Crespo-Herrera, L., Crossa, J., Huerta-Espino, J., Vargas, M., Mondal, S., Velu, G., Payne, T., Braun, H., & Singh, R. (2018). Genetic gains for grain yield in CIMMYT's semi-arid wheat yield trials grown in suboptimal environments. *Crop Science*, 58(5), 1890-1898.
- Ebem, E. C., Afuape, S. O., Chukwu, S. C., & Ubi, B. E. (2021). Genotype× environment interaction and stability analysis for root yield in sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam]. *Frontiers in Agronomy*, 3, 665564.
- Gauch Jr, H. G., & Zobel, R. W. (1997). Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science*, 37(2), 311-326.
- Güngör, H., Çakır, M. F., & Dumlupınar, Z. (2022). Evaluation of wheat genotypes: genotype× environment interaction and gge biplot analysis. *Turkish Journal of Field Crops*, 27(1), 149-157.
- Jafari, T., & Farshadfar, E. (2018). Stability analysis of bread wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.) by GGE biplot. *Cereal Research*, 8(2), 199-208.
- Jandong, E., Uguru, M., & Oyiga, B. (2011). Determination of yield stability of seven soybean (Glycine max) genotypes across diverse soil pH levels using GGE biplot analysis.
- Kahiluoto, H., Kaseva, J., Balek, J., Olesen, J. E., Ruiz-Ramos, M., Gobin, A., Kersebaum, K. C., Takáč, J., Ruget, F., & Ferrise, R. (2019). Decline in climate resilience of European wheat. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(1), 123-128.
- Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Sharifi, P., Alt Jafarby, J., Shahbazi Homonlo, K., & Keshavarzi, K. (2020). Grain yield stability of durum wheat genotypes in semi-warm rainfed regions. *Cereal Research*, 10(2), 135-147. [In Persian]
- Kaya, Y., Akçura, M., & Taner, S. (2006). GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 30(5), 325-337.
- Khare, V., Shukla, R. S., Pandey, S., Singh, S. K., & Singh, C. (2024). Exploring the genotype-environment interaction of bread wheat in ambient and high-temperature planting conditions: a rigorous investigation. *Scientific Reports*, 14(1), 2402.
- Lin, C.-S., Binns, M. R., & Lefkovich, L. P. (1986). Stability analysis: where do we stand? 1. *Crop Science*, 26(5), 894-900.
- Melkamu Temesgen, M. T., Sentayehu Alamerew, S. A., Firdissa Eticha, F. E., & Muez Mehari, M. M. (2015). Genotype× environment interaction and yield stability of bread wheat genotypes in South East Ethiopia. *World Journal of Agricultural Sciences*, 11(3), 121-127.
- Mohammadi, R., Farshadfar, E., & Amri, A. (2015). Interpreting genotype× environment interactions for grain yield of rainfed durum wheat in Iran. *The Crop Journal*, 3(6), 526-535.

- Saeidnia, F., Taherian, M., & Nazeri, S. M. (2023). Graphical analysis of multi-environmental trials for wheat grain yield based on GGE-biplot analysis under diverse sowing dates. *BMC Plant Biology*, 23(1), 198.
- Saleem, R., Ashraf, M., Khalil, I., Anees, M., Javed, H., & Saleem, A. (2016). GGE Bi-plot Analysis: Windows Based Graphical Analysis of Yield Stability and Adaptability of Millet Cultivars Across Pakistan. *Academia Journal of Biotechnology*, 4, 186-193.
- Segherloo, A. E., Sabaghpour, S., Dehghani, H., & Kamrani, M. (2010). Screening of superior chickpea genotypes for various environments of Iran using genotype plus genotype? environment (GGE) biplot analysis. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*.
- Setimela, P., Vivek, B., Bänziger, M., Crossa, J., & Maiden, F. (2007). Evaluation of early to medium maturing open pollinated maize varieties in SADC region using GGE biplot based on the SREG model. *Field Crops Research*, 103(3), 161-169.
- Shiri, M. R., & Bahrapour, T. (2015). Genotype× environment interaction analysis using GGE biplot in grain maize (*Zea mays* L.) hybrids under different irrigation conditions. *Cereal Research*, 5(1), 83-94. [In Persian]
- Semakula, G., & Dixon, A. (2007). Genotype X environment interaction, stability and agronomic performance of carotenoid-rich cassava clones. *Scientific Research and Essays*.
- Tadesse, T., Tekalign, A., Sefera, G., & Muligeta, B. (2017). AMMI model for yield stability analysis of linseed genotypes for the highlands of Bale, Ethiopia. *Plant*, 5(6), 93-98.
- Tanin, M. J., Sharma, A., Saini, D. K., Singh, S., Kashyap, L., Srivastava, P., Mavi, G., Kaur, S., Kumar, V., & Kumar, V. (2022). Ascertaining yield and grain protein content stability in wheat genotypes having the Gpc-B1 gene using univariate, multivariate, and correlation analysis. *Frontiers in Genetics*, 13, 1001904.
- Teodoro, P., Almeida Filho, J., Daher, R., de Menezes, C., Cardoso, M., Godinho, V., Torres, F., & Tardin, F. (2016). Identification of sorghum hybrids with high phenotypic stability using GGE biplot methodology.
- Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Armion, M., Mehraban, A., Hossein-Pour, T., & Dorii, M. (2017). GGE biplot and AMMI analysis of barley yield performance in Iran. *Cereal Research Communications*, 45(3), 500-511.
- Yan, W. (2001). GGEbiplot—A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy journal*, 93(5), 1111-1118.
- Yan, W., & Kang, M. S. (2002). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press.
- Yan, W., & Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42(1), 11-20.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., & Szlavnic, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, 40(3), 597-605.
- Yan, W., Kang, M. S., Ma, B., Woods, S., & Cornelius, P. L. (2007). GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science*, 47(2), 643-653.
- Ye, X., Li, J., Cheng, Y., Yao, F., Long, L., Wang, Y., Wu, Y., Li, J., Wang, J., & Jiang, Q. (2019). Genome-wide association study reveals new loci for yield-related traits in Sichuan wheat germplasm under stripe rust stress. *BMC genomics*, 20(1), 1-17.
- Zhang, P. P., Hui, S., Ke, X. W., Jin, X. J., Yin, L. H., Yang, L., ... & Feng, B. L. (2016). GGE biplot analysis of yield stability and test location representativeness in proso millet (*Panicum miliaceum* L.) genotypes. *Journal of Integrative Agriculture*, 15(6), 1218-1227.
- Zobel, R. W., Wright, M. J., & Gauch Jr, H. G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80(3), 388-393.