Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 18, Issue 3, 2026 p: 75-88 OPEN ACCESS

Research Paper

Identification of Stable Wheat Genotypes under Accelerated Aging Stress Using MGIDI and FAI-BLUP Models

Sima Fatanatvash[1], Hadi Alipour[2], Reza Darvishzadeh[3], and Mahdi Ghiyasi[4]

1- Ph.D. student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
2- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran (Corresponding author: ha.alipour@urmia.ac.ir)
3- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
4- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran

Received: 25 December, 2025 Revised: 10 May, 2026 Accepted: 26 May, 2026

Extended Abstract

Background: Stability and high performance under various environmental conditions are key characteristics for selecting tolerant genotypes in wheat breeding programs. One of the main challenges in wheat seed quality management is the seed aging phenomenon, which leads to a decrease in germination, vitality, and ultimately, seed performance over time. This phenomenon, especially under long-term storage conditions and influenced by unfavorable storage conditions, such as high temperature and relative humidity, has negative effects on seed quality and future crop performance. Furthermore, genotype × environment interactions (GEIs) play an important role in identifying genotypes resistant to seed aging, as these interactions can lead to significant changes in the genotype's response to different environmental conditions. This study aimed to identify high-performance (germination percentage) and stable genotypes under accelerated seed aging stress. To achieve this goal, a set of parametric and non-parametric stability indices was used to analyze the stability of germination percentage by employing advanced selection models, such as MGIDI and FAI-BLUP.

Methods: In this study, 228 wheat genotypes, including 161 landraces and 67 cultivated varieties, were evaluated for seed aging tolerance during the germination stage in the seed laboratory of Urmia University in the 2022-2023 growing season. The experiment was conducted using a factorial design in a completely randomized layout with three replications. The accelerated aging treatments were applied at four levels: 0, 48, 72, and 96 hours at 45 °C with near-saturation humidity. Germination percentage (GP) was then measured using the International Seed Testing Association (ISTA) guidelines by the Between Paper (BP) method. Subsequently, a combined analysis of variance (ANOVA) was performed to evaluate the effects of the environment, genotype, and their interaction on GP. Following that, parametric and non-parametric stability parameters were calculated based on the AMMI and BLUP models using the STABILITYSOFT software and the metan package in RStudio. The GGE biplot analysis was conducted using the GGEBiplotGUI package in RStudio. Modern selection models, such as MGIDI and FAI-BLUP, were used to identify superior genotypes in multi-environment trials (METs). These models were calculated using the metan package in RStudio, with a selection intensity (SI) of 10% for genotype selection. Additionally, the Average Sum of Ranking (ASR) was calculated to combine results and identify stable genotypes with high performance (germination percentage). Finally, the selected genotypes were identified based on MGIDI, FAI-BLUP, and the ASR ranking methods using a Venn diagram in RStudio with the VennDiagram and grid packages.

Results: The results of the combined ANOVA showed that the effects of the environment, genotype, and genotype × environment interaction on wheat germination percentage under accelerated aging stress were significant at the 1% probability level. The significant interaction between genotypes and environments, especially under accelerated aging stress, indicated that the response of germination to environmental effects varied across genotypes. Furthermore, the first three principal components accounted for 100% of the variation in the GEI. The first and the second principal components accounted for 59.2% and 30.3% of the variance in the data, respectively, indicating the importance of interaction effects in determining genotype responses to environmental stresses. Additionally, AMMI1 and AMMI2 biplots were used to identify stable genotypes and analyze GEIs under different conditions. According to the GGE biplot analysis,

Copyright ©2026. Fatanatvash et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License, which allows users to read, copy, distribute, and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

genotypes 55 (623379), 207 (624580), 19 (627359), 29 (624911), 227 (624894), and 73 (626261) were identified as the most stable genotypes. Furthermore, the combination of stability parameters and multi-trait selection models, such as FAI-BLUP and MGIDI, successfully identified superior genotypes. These selected genotypes not only demonstrated stability but also had higher performance than the other genotypes. Accordingly, genotypes 138 (AZAR2), 64 (624900), 67 (627189), 151 (623162), and 14 (623508) were identified as high-performance (germination percentage) and stable genotypes under seed aging conditions. In contrast, the ASR ranking method was mainly used for selecting stable genotypes, but this method was not able to identify genotypes with high germination percentages.

Conclusion: Overall, the results of this study could help improve the selection of resistant and high-performance genotypes in wheat breeding and seed production programs. In particular, this research emphasizes the importance of using advanced models, such as MGIDI and FAI-BLUP, along with classical analyses, for the accurate evaluation and selection of optimal genotypes in multi-environment trials. These models, with their ability to analyze complex GEIs and assess genotype stability, are effective tools for identifying genotypes resistant to various environmental stresses, including seed aging. The genotypes identified in this study can be used in breeding programs to enhance resistance to environmental stresses and improve seed quality. These genotypes, especially in conditions where seeds are rapidly affected by environmental factors, can be used as valuable genetic resources for the production of resistant and high-quality seeds.

Keywords: Germination, Multi-environment Trials (METs), Seed Performance, Seed Aging, Stability Indices

How to Cite This Article: Fatanatvash, S., Alipour, H., Darvishzadeh, R., & Ghiyasi, M. (2026). Identification of Stable Wheat Genotypes under Accelerated Aging Stress Using MGIDI and FAI-BLUP Models. *J Crop Breed*, 18(3), 75-88. DOI: 10.66224/jcb.2026.1639

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

OPEN ACCESS

مقاله پژوهشی

شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار گندم نان تحت تنش پیری تسریع‌شده با مدل‌های MGIDI و FAI-BLUP

سیما فطانت‌وش[۱]، هادی علی‌پور[۲]، رضا درویش‌زاده[۳] و مهدی قیاسی[۴]

۱- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۲- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران، (نویسنده مسوول: ha.alipour@urmia.ac.ir)
۳- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۴- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۱۰/۰۴ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۵/۰۲/۲۰ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۳/۰۵
صفحه ۷۵ تا ۸۸

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: پایداری و عملکرد بالا تحت شرایط مختلف، از ویژگی‌های کلیدی برای انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل در برنامه‌های به‌نژادی گندم نان محسوب می‌شوند. یکی از چالش‌های اصلی در مدیریت کیفیت بذر گندم، پدیده پیری بذر است که منجر به کاهش جوانه‌زنی، توان حیاتی و در نهایت عملکرد بذر در طول زمان می‌گردد. این پدیده به‌ویژه در شرایط ذخیره‌سازی طولانی‌مدت و تحت تأثیر شرایط نامطلوب ذخیره‌سازی مانند دما و رطوبت نسبی بالا، اثرات منفی بر کیفیت بذر و عملکرد محصول در آینده به‌همراه دارد. علاوه بر این، اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط (GEI) نقش مهمی در شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم به پیری بذر ایفا می‌کنند چرا که این اثرات می‌توانند موجب تغییرات قابل توجهی در واکنش ژنوتیپ‌ها به شرایط محیطی مختلف شوند. این مطالعه با هدف شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا (درصد جوانه‌زنی) و پایدار در برابر تنش پیری تسریع‌شده بذر انجام شد. به‌منظور دستیابی به این هدف، مجموعه‌ای از شاخص‌های پایداری پارامتریک و ناپارامتریک برای تحلیل پایداری درصد جوانه‌زنی و همچنین مدل‌های انتخاب پیشرفته مانند MGIDI و FAI-BLUP به‌کار گرفته شدند.

مواد و روش‌ها: در این تحقیق، ۲۲۸ ژنوتیپ گندم نان شامل ۱۶۱ توده بومی و ۶۷ رقم زراعی، با استفاده از آزمایش فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی و با سه تکرار، جهت ارزیابی تحمل به پیری بذر در مرحله جوانه‌زنی در آزمایشگاه بذر دانشگاه ارومیه، در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ مورد بررسی قرار گرفتند. تیمارهای پیری تسریع‌شده در چهار سطح صفر، ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت در دمای ۴۵ درجه سانتی‌گراد و رطوبت نزدیک به اشباع اعمال شدند. سپس، درصد جوانه‌زنی (GP) با استفاده از دستورالعمل انجمن بین‌المللی آزمون بذر (ISTA) به روش بین کاغذ (Between Paper; BP) اندازه‌گیری گردید. پس از آن، تجزیه واریانس مرکب برای ارزیابی اثرات محیط، ژنوتیپ و تعامل آن‌ها بر درصد جوانه‌زنی انجام گرفت. در ادامه، پارامترهای پایداری پارامتریک و غیر پارامتریک مبتنی بر مدل‌های AMMI و BLUP با نرم‌افزار STABILITYSOFT و بسته metan در نرم‌افزار RStudio محاسبه گردیدند. تحلیل بای‌پلات GGE نیز با استفاده از بسته GGEBiplotGUI در نرم‌افزار RStudio انجام گرفت. برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در آزمایش‌های چندمحیطی (METs)، از مدل‌های انتخاب مدرن MGIDI و FAI-BLUP استفاده شد. این مدل‌ها با بهره‌گیری از بسته metan در نرم‌افزار RStudio محاسبه شدند و شدت انتخاب (SI) معادل ۱۰ درصد برای انتخاب ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شد. همچنین، به‌منظور ترکیب نتایج و شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و با عملکرد (درصد جوانه‌زنی) بالا، میانگین مجموع رتبه‌ها (Average Sum of Ranking; ASR) محاسبه شد. در نهایت، با استفاده از نمودار ون در نرم‌افزار RStudio و بسته‌های VennDiagram و grid، ژنوتیپ‌های منتخب بر اساس مدل‌های MGIDI، FAI-BLUP و همچنین روش رتبه‌بندی ASR شناسایی شدند.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس مرکب (ANOVA) نشان دادند که اثرات محیط، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بر درصد جوانه‌زنی گندم تحت تنش پیری تسریع‌شده در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند. تعامل معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها و محیط به‌ویژه در شرایط تنش پیری تسریع‌شده، حاکی از آن است که واکنش جوانه‌زنی به اثرات محیطی در ژنوتیپ‌های مختلف، متفاوت است. علاوه بر این سه مؤلفه‌ی اول در مجموع ۱۰۰ درصد از تغییرات اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را توجیه نمودند. مؤلفه اصلی اول ۵۹/۲ درصد و مؤلفه اصلی دوم ۳۰/۳ درصد از واریانس موجود در داده‌ها را توجیه کردند، که نشان‌دهنده اهمیت اثرات متقابل در تعیین واکنش‌های ژنوتیپ‌ها به تنش‌های محیطی است. همچنین، بای‌پلات‌های AMMI1 و AMMI2 برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و تحلیل اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط در شرایط مختلف به‌کار گرفته شدند. مطابق با تحلیل GGE بای‌پلات، ژنوتیپ‌های ۵۵ (۶۲۳۳۷۹)، ۲۰۷ (۶۲۴۵۸۰)، ۱۹ (۶۲۷۳۵۹)، ۲۹ (۶۲۴۹۱۱)، ۲۲۷ (۶۲۴۸۹۴) و ۷۳ (۶۲۶۲۶۱) به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی شدند. همچنین، تلفیق پارامترهای پایداری و مدل‌های انتخاب چندصفتی، مانند FAI-BLUP و MGIDI، توانست ژنوتیپ‌های برتر را با موفقیت شناسایی کند. ژنوتیپ‌های انتخاب شده توسط این دو مدل علاوه بر پایداری، عملکرد بالاتری (درصد جوانه‌زنی) نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشتند. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۱۳۸ (آذر ۲)، ۶۴ (۶۲۴۹۰۰)، ۶۷ (۶۲۷۱۸۹)، ۱۵۱ (۶۲۳۱۶۲) و ۱۴ (۶۲۳۵۰۸) به‌عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد (درصد جوانه‌زنی) بالا و پایدار در شرایط پیری بذر شناسایی شدند. در مقابل، روش رتبه‌بندی ASR عمدتاً برای انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار به‌کار گرفته شد، اما این روش قادر به تعیین ژنوتیپ‌های با درصد جوانه‌زنی بالا نبود.

نتیجه‌گیری: به‌طور کلی، نتایج این مطالعه می‌توانند به بهبود انتخاب ژنوتیپ‌های مقاوم و با عملکرد بالا در برنامه‌های اصلاحی و تولید بذر کمک کنند. به‌ویژه، این تحقیق بر اهمیت استفاده از مدل‌های پیشرفته، مانند MGIDI و FAI-BLUP، در کنار تحلیل‌های کلاسیک برای ارزیابی دقیق و انتخاب ژنوتیپ‌های بهینه در آزمایش‌های چندمحیطی تأکید دارد. این مدل‌ها با توجه به توانایی خود در تحلیل تعاملات پیچیده ژنوتیپ × محیط و ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها، ابزارهای مؤثری برای شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم به تنش‌های محیطی مختلف، از جمله تنش ناشی از پیری بذر، محسوب می‌شوند. ژنوتیپ‌های شناسایی شده در این مطالعه می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی برای بهبود مقاومت به تنش‌های محیطی و افزایش کیفیت بذر مورد استفاده قرار گیرند. این ژنوتیپ‌ها به‌ویژه در شرایطی که بذرها سریعاً تحت تأثیر عوامل محیطی قرار می‌گیرند، می‌توانند به‌عنوان منابع ژنتیکی ارزشمند برای تولید بذرهای مقاوم و باکیفیت بالا مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: آزمایش‌های چند محیطی (METs)، جوانه‌زنی، زوال بذر، شاخص‌های پایداری، عملکرد بذر

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

مقدمه

گندم به‌دلیل قابلیت سازگاری با شرایط مختلف اقلیمی و خاکی، به‌ویژه در مناطق خشک و نیمه‌خشک، یکی از محصولات استراتژیک در تأمین امنیت غذایی جهان به‌شمار می‌آید. از این‌رو، بهبود عملکرد و پایداری گندم در شرایط متغیر محیطی، هدف اصلی برنامه‌های به‌نژادی و تحقیقات کشاورزی در سطح جهانی است (Fan *et al*., 2025).

یکی از جنبه‌های مهم این بهبود، تضمین کیفیت بذر گندم است. بذر گندم به عنوان یکی از مهم‌ترین بذور ارتدوکس، نیازمند شرایط نگهداری خاصی است تا از پیری و کاهش کیفیت آن جلوگیری شود (Li *et al*., 2022). پیری بذر فرآیندی طبیعی و غیر قابل بازگشت است که منجر به کاهش کیفیت بذر می‌شود (Li *et al*., 2017). درصد جوانه‌زنی یکی از مهم‌ترین شاخص‌ها برای ارزیابی کیفیت بذر گندم است. این ویژگی، نخستین مرحله رشد گیاه را نشان می‌دهد و توانایی بذر در تبدیل شدن به گیاه سالم و پربار را ارزیابی می‌کند. بذرهایی که درصد جوانه‌زنی بالاتری دارند، احتمال بیشتری برای رشد در شرایط محیطی مختلف و تولید محصولات با کیفیت دارند (Ahmed *et al*., 2025; Chabili *et al*., 2025; Fatanatvash *et al*., 2025).

تعامل ژنوتیپ با محیط (GEI) یکی از مفاهیم اساسی در به‌نژادی گیاهان است که تأثیر زیادی بر انتخاب ژنوتیپ‌های برتر و پایدار در شرایط محیطی مختلف دارد (Pour-Aboughadareh *et al*., 2025). این تعامل زمانی اهمیت بیشتری پیدا می‌کند که در انتخاب ژنوتیپ‌ها، ویژگی‌های خاصی مانند درصد جوانه‌زنی مورد ارزیابی قرار گیرند. این صفت تحت تأثیر عوامل محیطی مختلف، به‌ویژه دما و رطوبت، که از عوامل اصلی در فرآیند پیری بذر در طول زمان محسوب می‌شوند، قرار دارد. افزایش دما و رطوبت می‌تواند سرعت پیری بذر را افزایش و در نهایت توانایی بذر برای جوانه‌زنی و رشد گیاه را کاهش دهد (MacDonald, 1999; Shi *et al*., 2020). بنا بر این، تحلیل دقیق تعاملات ژنوتیپ–محیط برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و با عملکرد مطلوب در برابر پیری بذر ضروری است.

در دهه‌های اخیر، مدل‌ها و روش‌های آماری مختلفی برای تحلیل و تفسیر تعامل ژنوتیپ با محیط (GEI) و ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها توسعه یافته‌اند. به‌طور مثال، شوکلا (Shukla, 1972) از شاخص واریانس پایداری (Shukla's stability variance) برای بررسی پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده کرد. بر اساس این روش، ژنوتیپ‌هایی که مقادیر کمتری دارند به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناسایی می‌شوند. همچنین، ضریب تغییرات (CV) به‌عنوان یک شاخص پایداری و پارامتریک برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار توسط فرانسیس و کانبرگ (Francis & Kannenberg, 1987) معرفی شده است. از دیگر شاخص‌های پارامتریک مورد استفاده، شاخص پایداری ASI (AMMI Stability Index) است که برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها بر اساس مدل AMMI به‌کار می‌رود. علاوه بر این، پارامترهایی مانند ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون bi میزان انطباق‌پذیری ژنوتیپ‌ها نسبت به تغییرات محیطی را اندازه‌گیری می‌کنند (Finlay & Wilkinson, 1963). شاخص WAASB یک شاخص پارامتری مدرن است که برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در مدل BLUP استفاده می‌شود. این شاخص بر اساس میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف محاسبه می‌شود و برای تحلیل تعاملات ژنوتیپ × محیط به‌کار می‌رود (Olivoto *et al*., 2019). روش‌های آماری ناپارامتریک نیز به‌دلیل این‌که نیازی به نرمال بودن داده‌ها یا یکنواختی واریانس خطاها ندارند و همچنین به‌دلیل حساس نبودن به داده‌های پرت یا خطاها، اطلاعات ارزشمندی را در باره تغییرپذیری فنوتیپی و اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط در اختیار به‌نژادگران گیاهی قرار می‌دهند (Gholizadeh *et al*., 2025; Moghaddaszadeh *et al*., 2018; Pourdad *et al*., 2014).

از آن‌جا که انتخاب بر اساس پارامترهای مختلف پایداری ممکن است منجر به نتایج مختلفی شود، به‌نژادگران نیاز به مدل‌های منحصر به‌فرد دارند تا نتایج خود را ارائه دهند و تصمیمات واضحی در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بگیرند. بر اساس بررسی‌های انجام گرفته، مدل فاصله ژنوتیپ ایده‌آل چند صفتی (MGIDI) و مدل چند صفتی مبتنی بر تجزیه و تحلیل عاملی و طراحی ایده‌آل (FAI-BLUP) به‌تازگی به‌عنوان دو مدل انتخاب برای انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل بر اساس مجموعه‌ای از ویژگی‌های اندازه‌گیری شده پیشنهاد شده‌اند (Olivoto *et al*., 2022; Rocha *et al*., 2018). همچنین، پورابوقداره و همکاران (Pour-Aboughadareh *et al*., 2025) در مطالعه خود بیان کردند که ترکیب پارامترهای مختلف پایداری در مدل‌های مذکور توانست فرآیند انتخاب ژنوتیپ‌های بهینه در آزمایش‌های چندمحیطی را به‌طور قابل توجهی بهبود بخشد.

هدف از مطالعه حاضر، ارزیابی ۲۲۸ ژنوتیپ گندم نان ایرانی در چهار سطح پیری تسریع‌شده (صفر، ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت) با استفاده از مجموعه‌ای از شاخص‌های پایداری پارامتریک و ناپارامتریک برای تحلیل پایداری درصد جوانه‌زنی بود. در این بررسی، مدل‌های MGIDI و FAI-BLUP برای تجزیه و تحلیل داده‌ها به‌کار گرفته شدند. نتایج این تحقیق می‌توانند به‌عنوان مبنای علمی برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و معرفی آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی و تولید بذر با کیفیت بالا مورد استفاده قرار گیرند.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و طراحی آزمایش

این پژوهش با استفاده از آزمایش فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی و با سه تکرار، در آزمایشگاه بذر دانشگاه ارومیه در سال زراعی ۱۴۰۱–۱۴۰۲ انجام شد. مواد گیاهی شامل ۲۲۸ ژنوتیپ گندم نان، متشکل از ۱۶۱ توده بومی و ۶۷ رقم زراعی، بودند که به‌منظور بررسی تحمل به پیری بذر در مرحله جوانه‌زنی انتخاب شدند (جدول تکمیلی ۱). فاکتور اول شامل ژنوتیپ‌ها و فاکتور دوم (محیط) تیمارهای پیری تسریع‌شده در چهار سطح صفر، ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت بود. به‌منظور اعمال پیری، از آزمون پیری تسریع‌شده (Modarresi *et al*., 2002; Mondal & Bose, 2018) استفاده شد، به این صورت که

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

بذور هر ژنوتیپ ابتدا در محلول هیپوکلریت سدیم ۱۰ درصد برای ضد عفونی خیسانده شدند، و سپس در بسته‌های توری بسته‌بندی شده و داخل دسیکاتور قرار گرفتند. به‌منظور حفظ رطوبت نزدیک به اشباع، از آب مقطر در کف دسیکاتور استفاده شد. دسیکاتور در دمای ۴۵ درجه سانتی‌گراد انکوبه شد. رطوبت داخل دسیکاتور با استفاده از هیگرومتر دیجیتالی اندازه‌گیری گردید تا نزدیک به اشباع باقی بماند. پس از اعمال تیمارهای پیری، آزمون جوانه‌زنی استاندارد طبق روش ISTA انجام شد. در این آزمون، سه تکرار شامل ۲۵ عدد بذر از هر تیمار پیری بین کاغذ صافی مرطوب در پتری‌دیش‌ها قرار گرفتند و به‌مدت ۸ روز در دمای ۲۰ درجه سانتی‌گراد داخل دستگاه ژرمیناتور نگهداری شدند. در نهایت، درصد جوانه‌زنی بر اساس فرمول زیر محاسبه شد (ISTA, 2024):

$$GP = \frac{\sum Gni}{N}$$

Gni: تعداد کل بذرها جوانه‌زده تا روز n ام، N تعداد کل بذرهای واحد آزمایشی

پارامترهای پایداری

پس از جمع‌آوری داده‌ها، تجزیه واریانس مرکب انجام شد تا اثرات اصلی محیط (E)، ژنوتیپ (G) و تعامل آن‌ها (GEI) بر درصد جوانه‌زنی (GP) با استفاده از نرم‌افزار RStudio و بسته agricolae آزمون شود. همچنین، تجزیه واریانس AMMI برای استخراج مؤلفه‌های اصلی معنی‌دار تعاملات (IPCAها) انجام شد. برای بررسی پایداری ژنوتیپ‌ها، از روش اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر AMMI و تجزیه بای‌پلات GGE استفاده شد. سپس، چندین پارامتر (شاخص) پایداری پارامتریک و غیر پارامتریک بر اساس جدول ۱ محاسبه شدند. این شاخص‌ها به‌منظور پوشش خانواده‌های مختلف شاخص‌های پایداری و ارائه ارزیابی جامع و غیر تکراری از عملکرد ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. تمام پارامترهای پایداری با استفاده از نرم‌افزار STABILITYSOFT و بسته نرم‌افزاری metan در نرم‌افزار RStudio محاسبه شدند.

جدول ۱- اختصارات، توضیحات و مراجع مربوط به پارامترهای پایداری مبتنی بر مدل‌های AMMI و BLUP

Table 1. Abbreviations, descriptions, and references for stability parameters based on AMMI and BLUP models

نام Name	نام کامل Full Name	پارامتریک/ناپارامتریک Parametric/ Non-parametric	کلاسیک/مدرن Classical/ Modern	امی/بلاپ AMMI/ BLUP	مقدار مطلوب Desired Value	منابع References
Shukla	واریانس پایداری شوکلا Shukla's Stability Variance	پارامتریک Parametric	کلاسیک Classical	-	کمینه Minimum	Shukla, 1972
CV	ضریب تغییرات Coefficient of Variation (CV)	پارامتریک Parametric	کلاسیک Classical	-	کمینه Minimum	Francis & Kannenberg, 1978
R^2	ضریب تعیین Coefficient of Determination (R^2)	پارامتریک Parametric	کلاسیک Classical	-	بیشینه Maximum	Pinthus 1973
bi	ضریب تعامل AMMI Interaction Coefficient (bi)	پارامتریک Parametric	کلاسیک Classical	-	نزدیک به ۱ Close to 1	Finlay & Wilkinson, 1963
ASI	شاخص پایداری امی AMMI Stability Index	پارامتریک Parametric	کلاسیک Classical	AMMI	کمینه Minimum	Jambhulkar *et al*., 2017
SIPC	مجموع تعامل مولفه‌های اصلی Sum of the Interaction Principal Components	پارامتریک Parametric	کلاسیک Classical	AMMI	کمینه Minimum	Sneller *et al*., 1997
WAASB	میانگین وزنی نمرات مطلق در مدل بلاپ Weighted Average of Absolute Scores BLUP	پارامتریک Parametric	مدرن Modern	BLUP	کمینه Minimum	Olivoto *et al*., 2020
S1	شاخص پایداری هان ۱ Stability Index 1	ناپارامتریک Non-parametric	مدرن Modern	-	کمینه Minimum	Nassar & Huehn, 1987
N1	شاخص پایداری تنارازو ۱ Stability Index 1	ناپارامتریک Non-parametric	مدرن Modern	-	کمینه Minimum	Thennarasu, 1995
KR	رتبه کانگ Kang's Rank	ناپارامتریک Non-parametric	مدرن Modern	-	کمینه Minimum	Kang, 1988
HMGV	میانگین هندسی مقادیر ژنتیکی Harmonic Mean Genetic Values	پارامتریک Parametric	مدرن Modern	BLUP	بیشینه Maximum	Resende, 2007
RPGV	Relative نسبت نسبی واریانس ژنتیکی Proportion of Genetic Variance	پارامتریک Parametric	مدرن Modern	BLUP	بیشینه Maximum	Farshadfar, 2008
HMRPGV	میانگین هندسی نسبت نسبی مقادیر ژنتیکی Harmonic Mean Relative Proportion of Genetic Values	پارامتریک Parametric	مدرن Modern	BLUP	بیشینه Maximum	Zali *et al*., 2012

مدل‌های انتخاب

در این تحقیق، از دو مدل انتخاب MGIDI و FAI-BLUP برای افزایش کارایی انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در آزمایش‌های چند محیطی (METs) استفاده شد. تئوری MGIDI به‌طور کامل توسط الیواتو و همکاران (Olivoto *et al*., 2022) توصیف شده است. با این‌حال، این مدل انتخاب با محاسبه‌ی فاصله اقلیدسی ژنوتیپ‌ها از ایدئوتیپ ایده‌آل، امکان شناسایی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس مجموعه‌ای از صفات را فراهم می‌کند. FAI-BLUP مدل انتخاب چندصفتی دیگری است که توسط روچا و همکاران (Rocha *et al*., 2018) پیشنهاد شده است که هدف آن افزایش دقت در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر است. مراحل مدل FAI-BLUP به این‌صورت است که ابتدا تحلیل عاملی انجام می‌شود، و سپس امتیازهای عاملی هر ایدئوتیپ بر اساس ویژگی‌های مطلوب و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

نامطلوب طراحی می‌شود. در مرحله بعد احتمال فضایی بر اساس فاصله ژنوتیپ–ایده‌آل تخمین زده می‌شود و در نهایت، ژنوتیپ‌ها بر اساس این اطلاعات رتبه‌بندی می‌شوند. این مدل‌ها با استفاده از بسته metan در نرم‌افزار RStudio محاسبه شدند. به‌منظور ترکیب نتایج حاصل از تمامی پارامترهای پایداری و شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و با عملکرد بالا، میانگین مجموع رتبه‌ها (Average Sum of Ranking; ASR) برای هر ژنوتیپ محاسبه شد. در این روش، ابتدا ژنوتیپ‌ها بر اساس هر پارامتر پایداری رتبه‌بندی شدند و سپس میانگین این رتبه‌ها به‌عنوان شاخص ASR تعیین گردید (Pour-Aboughadareh *et al*., 2025). در نهایت، برای شناسایی ژنوتیپ‌هایی که به‌طور هم‌زمان در چندین مدل انتخابی و شاخص پایداری برتر بودند، از نمودار ون استفاده شد. این نمودار با استفاده از بسته‌های VennDiagram و grid در نرم‌افزار RStudio رسم شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب (ANOVA) نشان دادند که اثرات محیط، ژنوتیپ‌ها و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بر درصد جوانه‌زنی گندم تحت تنش پیری تسریع شده در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۲). تعامل معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها و شرایط تنش پیری تسریع شده، نشان دهنده این است که اثرات محیطی بر جوانه‌زنی در ژنوتیپ‌های مختلف به‌طور متفاوتی مشاهده می‌شود. در واقع، این بینش به اصلاح‌گران این امکان را می‌دهد که ژنوتیپ‌هایی را انتخاب کنند که برای شرایط اقلیمی محلی (که ممکن است شامل دما، رطوبت، یا دیگر عوامل محیطی باشد) مناسب باشند و عملکرد بهینه‌ای در آن محیط‌ها داشته باشند. این رویکرد می‌تواند به بهبود عملکرد کشاورزی و افزایش پایداری تولید محصولات کمک کند (Pour-Aboughadareh *et al*., 2025; Anuradha *et al*., 2022).

جدول ۲- تجزیه واریانس مرکب برای درصد جوانه‌زنی ژنوتیپ‌های گندم نان در محیط‌های پیری تسریع شده

Table 2. Combined analysis of variance for germination percentages of wheat genotypes under accelerated aging environments

میانگین مربعات Mean of Squares	مجموع مربعات Sum of Squares	درجه آزادی df	منبع Source
951144.75**	2853434.2	3	محیط ENV
43.63158ns	349.0526	8	تکرار (محیط) REP (ENV)
1773.6264**	402613.19	227	ژنوتیپ GEN
472.29039**	321629.75	681	ژنوتیپ × محیط GEN × ENV
52.96491	96184.281	1816	خطا Residuals
		15.46138	ضریب تغییرات CV (%)

ns، * و ** به‌ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ و معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ را نشان می‌دهند.
ns, * and ** indicate non-significance and significance at the levels of 5% and 1%, respectively.

تجزیه AMMI به‌طور مؤثر توانست تعاملات پیچیده بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را مدل‌سازی کند. نتایج تجزیه AMMI نشان دادند که مؤلفه اول اصلی (PC1) ۵۹/۲ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه نمود و بیانگر این است که بیشترین تفاوت‌ها بین شرایط آزمایشی و درصد جوانه‌زنی ناشی از تعاملات ژنوتیپ–محیط بودند. سهم بالای مؤلفه اصلی اول در توجیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط توسط محققان دیگری گزارش شده است که با نتایج تحقیق حاضر مطابقت دارد (Najafi Mirak *et al*., 2019 & 2021).

معنی‌داری تعداد مؤلفه‌ها می‌تواند نشان‌دهنده پیچیدگی اثر تعامل ژنوتیپ × محیط باشد و این موضوع به تعداد محیط‌ها، ویژگی‌های ژنتیکی و شرایط آن‌ها بستگی دارد (Amini *et al*., 2023). مؤلفه‌های بعدی مانند PC2 و PC3 نیز سهم قابل توجهی در توجیه واریانس داشتند (۳۰/۳ درصد و ۱۰/۵ درصد به‌ترتیب)، که این به تحلیل و درک بهتر تعاملات پیچیده بین ژنوتیپ‌ها و شرایط محیطی کمک می‌کند (جدول ۳). این تحلیل نشان می‌دهد که تجزیه AMMI ابزار قدرتمندی برای بررسی تعاملات و انتخاب ژنوتیپ‌های متحمل به شرایط پیری تسریع‌شده است.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

جدول ۳- تجزیه واریانس درصد جوانه‌زنی ژنوتیپ‌های گندم نان در محیط‌های پیری تسریع‌شده با استفاده از روش AMMI
Table 3. ANOVA results for germination percentages of wheat genotypes under accelerated aging environments using the AMMI method

منبع Source	درجه آزادی df	مجموع مربعات Sum of Squares	میانگین مربعات Mean of Squares	درصد تغییرات Proportion	درصد تجمعی تغییرات Accumulated
محیط ENV	3	2853434.2	951144.74854 **		
تکرار (محیط) REP(ENV)	8	349.0526	43.63158 ns		
ژنوتیپ GEN	227	402613.19	1773.6264 **		
ژنوتیپ×محیط GEN × ENV	681	321629.75	472.29039 **		
مؤلفه‌ی اول PC1	229	190422.62	831.53982 **	59.2	59.2
مؤلفه‌ی دوم PC2	227	97472.115	429.39258 **	30.3	89.5
مؤلفه‌ی سوم PC3	225	33735.02	149.93342 **	10.5	100
خطا Residuals	1816	96184.281	52.96491		
کل Total	3416	3995840.3	1169.74247		

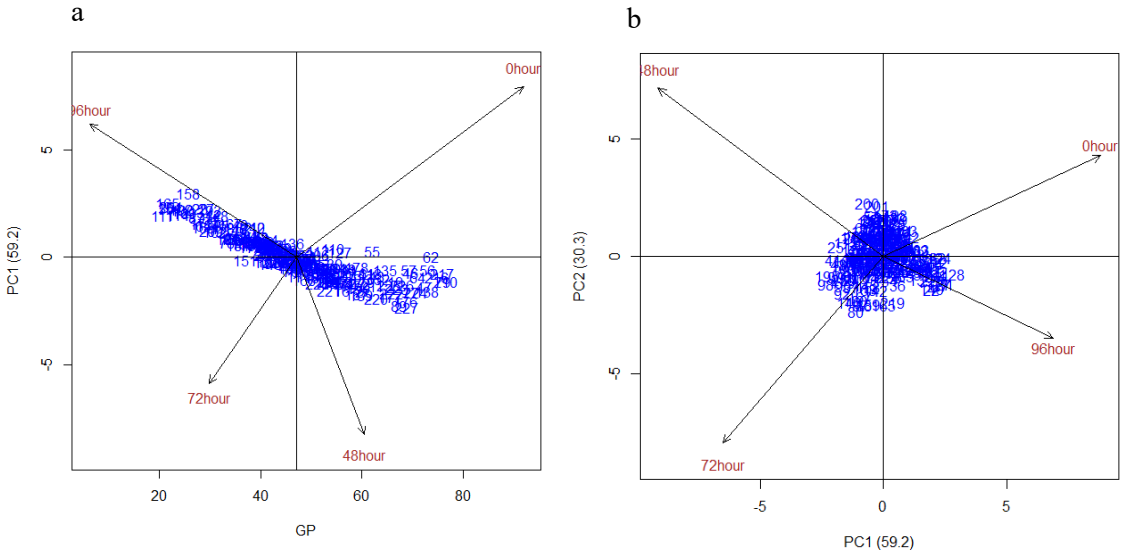
ns، * و** به ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۵ و معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ را نشان می‌دهند.
ns, * and ** indicate non-significance and significance at the levels of 5% and 1%, respectively.

تحلیل اثرات اصلی و تعاملات ژنوتیپ × محیط با استفاده از بای‌پلات‌های AMMI1 و AMMI2

محور افقی در نمودار AMMI1 نشان‌دهنده میانگین عملکردها یا اثرات اصلی جمع‌پذیر است که تفاوت‌های عمومی در عملکرد ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را نشان می‌دهد. محور عمودی نشان‌دهنده اثرات متقابل ضرب‌پذیر یا همان اولین مؤلفه اصلی اثرات متقابل است (PCA1) که تعاملات پیچیده بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را نمایان می‌کند. خط عمود میانه این نمودار از میانگین کل آزمایش می‌گذرد، و ژنوتیپ‌ها و مکان‌هایی که در سمت راست این خط قرار می‌گیرند، عملکردی بالاتر از میانگین کل دارند. هرچه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به خط افقی نزدیک‌تر باشند، اثرات متقابل کمتری مشاهده می‌شود (Yan & Hunt, 2002). در مقابل، ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که اثر متقابل بالاتری دارند، مقادیر بزرگ‌تری (چه مثبت و چه منفی) در اولین مؤلفه اصلی اثرات متقابل نشان می‌دهند. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۲۴۵ (۶۲۴۵۸۵)، ۱۶۵ (۶۲۶۲۱۵)، ۲۲۷ (۶۲۴۸۴۹)، ۲۱۶ (۶۲۷۰۹۹)، ۱۵ (شاهپسند) و ۱۱۴ (سیروان) از پایداری بیشتری برخوردار هستند (شکل ۱a و جدول تکمیلی ۲).

با توجه به این که PCA1 فقط قسمتی از تغییرات را توجیه می‌کند، برای این که قسمت بیشتری از تغییرات توجیه شود از PCA2 نیز استفاده می‌شود (Jafari Nazarabadi *et al*., 2022). به‌منظور دستیابی به نتایج مطمئن‌تر، اطلاعات مربوط به مؤلفه دوم نیز در تحلیل گنجانده می‌شود (مدل AMMI2). در مدل AMMI2، محور X نمرات PCA1 برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، و محور Y نمرات PCA2 برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را نشان می‌دهند. با توجه به موقعیت تلاقی این دو مؤلفه، مکان قرار گرفتن هر ژنوتیپ و محیط در فضای دو بعدی مشخص می‌شود. ژنوتیپ‌هایی که به مبدأ (مرکز) نزدیک‌تر باشند، نشان‌دهنده اثر متقابل کمتری هستند و بنا بر این پایدارترند، هرچند که ممکن است عملکرد بالاتری نداشته باشند. طول بردارهای محیطی در این مدل نمایانگر تأثیر محیط‌ها بر تعاملات ژنوتیپ × محیط (GE) است، به‌گونه‌ای که هر چه طول بردار یک محیط بیشتر باشد، آن محیط در ایجاد اثر متقابل سهم بیشتری دارد. اگر یک ژنوتیپ به نوک بردار یک محیط نزدیک‌تر باشد، نشان‌دهنده این است که آن ژنوتیپ در آن محیط عملکرد بالاتری دارد یا سازگاری خصوصی بیشتری دارد (Jędzura *et al*., 2023). با توجه به این تحلیل‌ها، ژنوتیپ‌های ۱۵۲ (آرتا)، ۲۳۲ (۶۲۳۹۰۵)، ۳۷ (۶۲۷۶۸۸)، ۱۱۴ (سیروان)، ۲۵ (هیرمند) و ۶۷ (۶۲۷۱۸۹) در نزدیکی مرکز بای‌پلات قرار داشتند و پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند (شکل ۱b و جدول تکمیلی ۲).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]



شکل ۱- نمودار بای‌پلات AMMI1 برای ۲۲۸ ژنوتیپ گندم در محیط‌های پیری تسریع‌شده صفر (نرمال)، ۴۸، ۷۲ و ۹۶ ساعت (a)، بای‌پلات AMMI2 برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و تفکیک کنندگی محیط‌ها بر اساس دو مؤلفه اصلی اول و دوم (b).

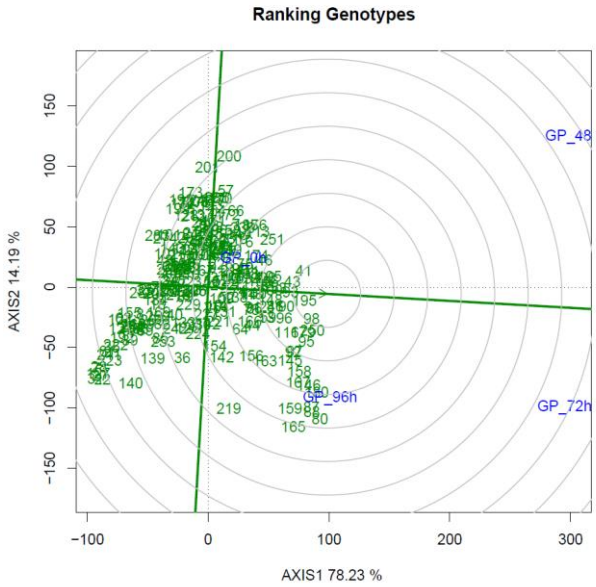
Figure 1. The AMMI1 biplot for 228 wheat genotypes in accelerated aging environments of 0 (normal), 48, 72, and 96 hours (a). The AMMI2 biplot for identifying superior genotypes and discriminating environments based on the first and second principal components (b).

پایداری ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه و تحلیل بای‌پلات GGE

در این مطالعه، داده‌ها با بهره‌گیری از تجزیه و تحلیل بای‌پلات GGE، به‌عنوان یک مدل کارآمد برای ارزیابی داده‌های آزمایشی چندمحیطی، مورد تحلیل قرار گرفتند (Yan & Kang, 2002). شکل ۲، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را بر اساس میانگین درصد جوانه‌زنی و میزان پایداری در شرایط مورد مطالعه نشان می‌دهد. پس از برازش مدل GGE، مؤلفه اول ۷۸/۲۳ درصد و مؤلفه دوم ۱۴/۱۹ درصد از واریانس کل داده‌ها را برای آزمایش‌های چند محیطی توضیح دادند. در این مدل، ژنوتیپ‌هایی که نزدیک به محور افقی و مبدا قرار دارند، پایداری بیشتری در برابر تغییرات محیطی نشان می‌دهند و عملکرد آن‌ها در شرایط مختلف به‌طور کلی ثابت است. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۵۵ (۶۲۳۳۷۹)، ۲۰۷ (۶۲۴۵۸۰)، ۱۹ (۶۲۷۳۵۹)، ۲۹ (۶۲۴۹۱۱)، ۲۲۷ (۶۲۴۸۹۴) و ۷۳ (۶۲۶۲۶۱) به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. از سوی دیگر، ژنوتیپ‌هایی که در راستای محور افقی به سمت راست قرار دارند، درصد جوانه‌زنی بالاتری دارند. بنابراین، ژنوتیپ‌های ۴۱ (۶۲۷۱۰۳)، ۴۳ (۶۲۳۴۷۵)، ۹۳ (۶۲۴۸۰۵) و ۱۰۵ (۶۲۲۲۴۷) به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی با درصد جوانه‌زنی بالا شناسایی شدند.

نتایج میانگین درصد جوانه‌زنی ژنوتیپ‌ها و ۱۳ آماره پارامتریک، ناپارامتریک و مدل‌محور نشان دادند که دامنه تغییرات میانگین درصد جوانه‌زنی ژنوتیپ‌های مورد بررسی بین ۲۰/۶۷ تا ۷۶/۶۷ درصد بود و ژنوتیپ‌های ۸۰ (۶۲۷۴۱۰)، ۸۸ (۶۲۶۹۷۸)، ۱۸۰ (کرج۱)، ۸۷ (۶۲۷۸۴۹)، ۱۶۵ (۶۲۶۲۱۵)، ۱۵۸ (۶۲۴۹۴۴) و ۲۵۰ (۶۲۴۸۶۴) بیشترین و ژنوتیپ‌های ۲۲ (۶۲۱۴۲۱) و ۱۲۷ (امید) کمترین درصد جوانه‌زنی را داشتند (جدول تکمیلی۳). بر اساس نتایج، برخی از پارامترها الگوی رتبه‌بندی مشابهی را در میان ژنوتیپ‌ها نشان دادند. به عنوان مثال، ژنوتیپ‌های ۶۹ (۶۲۷۴۲۳)، ۹۵ (۶۲۷۸۵۳)، ۲۵۷ (۶۲۴۸۰۴) و ۲۶۵ (شهریار) به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها بر اساس پارامترهای HMGV، RPGV و HMRPGV شناسایی شدند. به‌طور مشابه، ژنوتیپ‌های ۶۲ (۶۲۳۹۰۸)، ۱۴۴ (۶۲۷۰۶۶) و ۲۰۵ (تجن) بر اساس پارامترهای مدل محورAMMI شامل ASI و SIPC و همچنین پارامتر WASSBمبتنی بر BLUP به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]



شکل۲- بای‌پلات مقایسه و رتبه‌بندی ۲۲۸ ژنوتیپ گندم نان بر اساس عملکرد جوانه‌زنی و پایداری

Figure 2. The biplot for the comparison and ranking of 228 bread wheat genotypes based on germination performance and stability

بر اساس آماره‌های ناپارامتری مورد بررسی در این تحقیق، ژنوتیپ‌های با کمترین مقادیر به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار در نظر گرفته می‌شوند. بر اساس آماره ناپارامتری S1 ژنوتیپ‌های ۸۸ (۶۲۶۹۷۸)، ۱۳۰ (بیستون) و ۵۴ (۶۲۴۹۱۰) با کمترین مقادیر به عنوان پایدارترین و ژنوتیپ‌های ۹۸ (۶۲۳۴۲۱) و ۱۹۵ (۶۲۷۴۱۷) با بیشترین مقادیر آماره مذکور به‌عنوان ناپایدارترین ژنوتیپ ها شناسایی شدند. بنا بر گزارش هان و لئون (Huhn & Leon, 1995)، شاخص S1 به‌دلیل سادگی در محاسبه و تفسیر واضح (میانگین مطلق اختلاف عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف) آزمونی مناسب برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در برابر تغییرات محیطی است. همچنین بر اساس آماره N1 ژنوتیپ‌های ۱۵۲ (آرتا)، ۲۳۲ (۶۲۳۹۰۵) و ۲۵ (هیرمند) به‌عنوان پایدارترین شناخته شدند.

در ارزیابی سازگاری ژنوتیپ‌ها با محیط‌های مختلف، یکی از ابزارهای کلیدی بررسی ضریب رگرسیون (یعنی شاخص اثر محیط بر ژنوتیپ) است که نقش مهمی را در تعیین نوع سازگاری ژنوتیپ‌ها ایفا می‌کند (Alipour *et al*., 2021). در این راستا، ژنوتیپ‌هایی که دارای ضریب رگرسیون یک یا نزدیک به یک باشند و همچنین عملکرد آن‌ها از میانگین کل آزمایش بیشتر باشد، به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی با سازگاری عمومی بالا برای تمام محیط‌های مورد بررسی شناخته می‌شوند. ژنوتیپ‌هایی با ضریب رگرسیون بالاتر از یک دارای سازگاری خصوصی به محیط‌های مطلوب و ژنوتیپ‌های با ضریب رگرسیون کمتر از یک دارای سازگاری خصوصی به محیط‌های نامطلوب هستند (Gholizadeh *et al*., 2025). با توجه به نتایج، ژنوتیپ‌های ۵۶ (شیرودی)، ۷۳ (۶۲۶۲۶۱)، ۷۷ (هما)، ۱۱۴ (سیروان) و ۱۵۲ (آرتا) با bi نزدیک به یک به‌عنوان ژنوتیپ‌های با سازگاری عمومی بالا برای تمام محیط‌های پیری تسریع‌شده شناخته شدند. در مقابل، ژنوتیپ‌های ۵۷ (۶۲۷۸۸۳) و ۱۰۰ (۶۲۶۹۰۸) با ضریب رگرسیون بالاتر از یک و درصد جوانه‌زنی (GP) بالاتر از میانگین کل آزمایش به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی با سازگاری خصوصی به محیط‌های مساعد یا مطلوب شناسایی شدند. انتخاب ژنوتیپ‌هایی که از سازگاری عمومی و خصوصی برخوردارند، می‌تواند تأثیرات منفی تعامل ژنوتیپ × محیط را کاهش دهد و امکان استفاده بهینه از تنوع شرایط محیطی را در سیستم‌های زراعی فراهم آورد (Farshadfar & Sutka, 2006).

بر اساس نتایج سایر آماره‌های پارامتری مانند آماره واریانس پایداری کلاسیک شوکلا، ژنوتیپ‌های ۲۳۲ (۶۲۳۹۰۵)، ۳۷ (۶۲۷۶۸۸)، ۱۵۲ (آرتا) و ۲۳ (۶۲۴۲۴۰) پایدار بودند. آماره ضریب تغییرات CV، ژنوتیپ‌های ۱۶۵ (۶۲۶۲۱۵)، ۱۵۹ (الوند) و ۸۰ (۶۲۷۴۱۰) را پایدار معرفی کرد، در حالی‌که بر اساس آماره ضریب تشخیص R^2 که مقادیر بالای آن پایداری را نشان می‌دهند، ژنوتیپ‌های ۱۰ (۶۲۳۴۷۳)، ۲۳ (۶۲۴۲۴۰) و ۳۷ (۶۲۷۶۸۸) به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند. از روش‌های پارامتری، مانند ضریب تغییرات، ضریب تشخیص، واریانس محیطی، واریانس پایداری شوکلا و اکوالانس ریک، برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار توسط پژوهشگران مختلف استفاده شده است (Alizadeh *et al*., 2022; Akbari *et al*., 2022; Vaezi *et al*., 2019). بر اساس آماره ناپارامتری و مدرن Kang's Rank (KR)، ۲۳۲ (۶۲۳۹۰۵)، ۲۰۵ (تجن) و ۲۲۷ (۶۲۴۸۹۴) به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها در مقابل تغییرات محیطی شناسایی شدند.

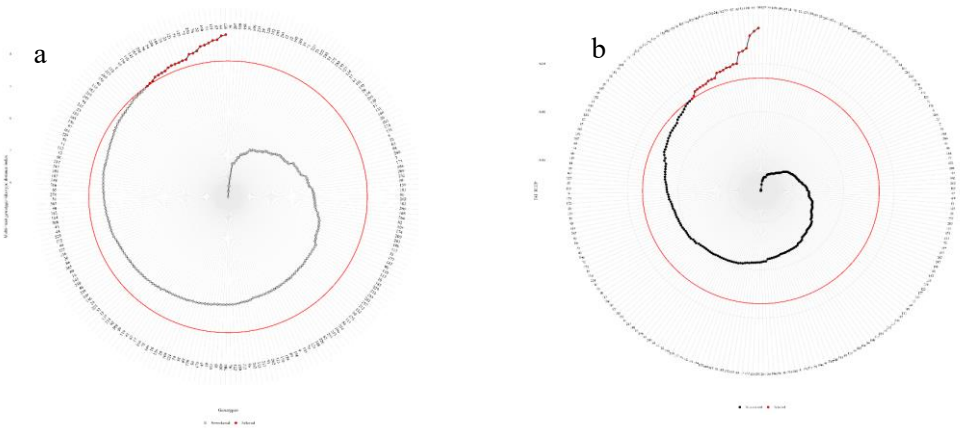
از آن‌جا که پارامترهای مختلف پایداری نتایج متفاوتی را در شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار نشان دادند، مدل‌های MGIDI و FAI-BLUP و روش ASR برای انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

بر اساس تمامی پارامترهای پایداری به‌کار گرفته شدند. بر اساس مدل MGIDI، چهار مؤلفه اصلی اول که مقادیر ویژه (Eigen values) بیشتر از ۱ داشتند، ۷۹/۸۷ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند. پارامترهای پایداری انتخاب‌شده در هر عامل استخراج شده به همراه مقادیر انتخاب تفاضلی (SD%) برای تمامی پارامترها در جدول ۴ آمده‌اند. در این مدل، پارامترهای مبتنی بر BLUP، شامل HMGV، RPGV و HMRPGV، درصد جوانه‌زنی (GP) و R^2، انتخاب تفاضلی مثبت (SD%) را نشان دادند. به‌طور خاص، بالاترین مقادیر این پارامترها به شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار منجر شدند. در مقابل، برای پارامترهایی که مقادیر پایین‌تر آن‌ها مطلوب هستند، انتخاب تفاضلی منفی بود که در بازه‌ی ۴/۷۴- تا ۳۶/۵۶- قرار داشت (جدول ۴). بر اساس این مدل، ژنوتیپ‌های ۱۳۸ (آذر ۲) به‌عنوان پایدارترین و پر بازده‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند که پس از آن ژنوتیپ‌های ۶۴ (۶۲۴۹۰۰)، ۶۷ (۶۲۷۱۸۹) و ۱۵۱ (۶۲۳۱۶۲) قرار دارند، که نسبت به سایرین درصد جوانه‌زنی بهتری داشتند (شکل ۳a). در مدل FAI-BLUP، مشابه مدل MGIDI، اولین چهار مؤلفه اصلی ۷۹/۸۷ درصد از کل تغییرات را توجیه کردند. در میان پارامترهای پایداری، HMGV، RPGV و HMRPGV، درصد جوانه‌زنی (GP) و R^2، انحراف استاندارد مثبت را نشان دادند. انحراف استاندارد مثبت بین ۳/۵۰ تا ۲۱۳/۸۶ متغیر بود، در حالی‌که انحراف استاندارد منفی از ۹/۴۹- تا ۴۳/۵۳- متغیر بود (جدول ۴). به‌طور کلی، این مدل ژنوتیپ‌های ۱۳۸ (آذر ۲) و بعد از آن ۱۴ (۶۲۳۵۰۸)، ۶۴ (۶۲۶۴۹۰۰) و ۱۵۱ (۶۲۳۱۶۲) را به‌عنوان پایدارترین و پربازده‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی کرد (شکل ۳b). مدل‌های MGIDI و FAI-BLUP دو مدل جدید انتخاب برای انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل گیاهان زراعی هستند که بر اساس ویژگی‌های اندازه‌گیری شده طراحی شده‌اند (Olivoto *et al*., 2022; Rocha *et al*., 2018).

همچنین، برای شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد مطلوب و پایدار بر اساس مدل‌های MGIDI و FAI-BLUP و همچنین روش رتبه‌بندی ASR، یک نمودار ون ترسیم شد. بر اساس نتایج این تحلیل، ژنوتیپ ۱۳۸ (آذر ۲) به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ شناسایی گردید. علاوه بر این، ژنوتیپ‌های ۶۴ (۶۲۴۹۰۰)، ۶۷ (۶۲۷۱۸۹)، ۱۵۱ (۶۲۳۱۶۲)، ۱۴ (۶۲۳۵۰۸)، ۵۲ (دستجردی)، ۱۴۴ (سیروان) و ۲۴۶ (کوهدشت) به‌عنوان ژنوتیپ‌های ایده‌آل و مطلوب از نظر درصد جوانه‌زنی (GP) و پایداری انتخاب شدند. پورابوقداره و همکاران (Pour-Aboughadareh *et al*., 2025) گزارش کردند که در روش رتبه‌بندی (ASR)، انتخاب ژنوتیپ‌ها به‌طور عمده بر اساس پایداری آن‌ها در برابر تغییرات محیطی صورت می‌گیرد، بدون آن که لزوماً عملکرد کلی ژنوتیپ‌ها در فرآیند انتخاب مد نظر قرار گیرد. بنا بر این، استفاده از مدل‌های MGIDI و FAI-BLUP می‌تواند در انتخاب نهایی ژنوتیپ‌ها در آزمایش‌های محیطی چندگانه (METs) مفید باشد.



شکل۳- ژنوتیپ‌های منتخب گندم نان با عملکرد جوانه‌زنی و پایداری مطلوب با استفاده از مدل‌های انتخاب MGIDI (a) وFAI-BLUP (b)
Figure 3. Selected wheat genotypes with desirable germination performance and stability based on the MGIDI (a) and FAI-BLUP (b) selection models

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

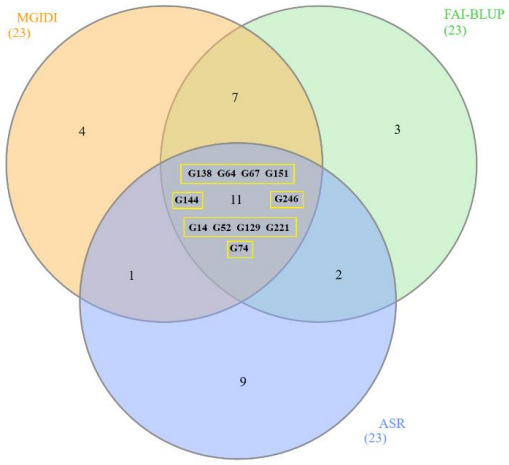
جدول۴- تفاضل انتخاب (SD: Selection differential) برای ژنوتیپ‌های برتر انتخابی در مدل‌های MGIDI و FAI-BLUP

Table 4. Selection differential (SD) for selected superior genotypes in MGIDI and FAI-BLUP models

پارامتر Parameter	حساسیت Sensitivity	عامل Factor	میانگین مجموعه ژنوتیپ‌های اولیه Xo	میانگین مجموعه ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده Xs	درصد تفاضل انتخاب MJIDI-SD %	درصد تفاضل انتخاب FAI-BLUP SD %	مقادیر ویژه Eigen values	PCA واریانس توجیه‌شده توسط Explained variation in PCA
شوکلا Shukla	کاهش Decrease	عامل اول FA1	157.4	116.1	-26.28	-23.15	3.8	27.14
شاخص پایداری هان ۱ S1	کاهش Decrease	عامل اول FA1	15.21	15.97	5.005	-10.10		
شاخص پایداری تنارازو۱ N1	کاهش Decrease	عامل اول FA1	55.59	46.95	-15.53	-15.23		
رتبه کانگ KR	کاهش Decrease	عامل اول FA1	216.9	137.6	-36.56	-36.80		
ضریب تعیین R2	افزایش Increase	عامل اول FA1	0.9199	0.9457	2.798	3.51		
شاخص پایداری امی ASI	کاهش Decrease	عامل دوم FA2	0.5898	0.4457	-24.44	-43.53	3.02	21.54
مجموع تعامل مولفه‌های اصلی SIPC	کاهش Decrease	عامل دوم FA2	2.05	1.953	-4.745	-25.15		
میانگین وزنی نمرات مطلق در مدل بلاپ WAASB	کاهش Decrease	عامل دوم FA2	0.7426	0.6213	-16.33	-40.16		
ضریب تغییرات CV	کاهش Decrease	عامل سوم FA3	90.33	66.75	-26.1	-29.34	2.35	16.79
ضریب تعامل bij	کاهش Decrease	عامل سوم FA3	0.9997	0.9365	-6.319	-9.49		
درصد جوانه‌زنی GP	افزایش Increase	عامل سوم FA3	47.07	56	18.97	20.42		
میانگین هندسی مقادیر ژنتیکی HMGV	افزایش Increase	عامل چهارم FA4	12.92	35.54	175	103.84	2.02	16.4
نسبت نسبی واریانس ژنتیکی RPGV	افزایش Increase	عامل چهارم FA4	1	1.688	68.79	39.44		
میانگین هندسی نسبت نسبی مقادیر ژنتیکی HMRPGV	افزایش Increase	عامل چهارم FA4	0.3462	1.307	277.4	213.82		

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]



شکل ۴- نمودار ون برای ژنوتیپ‌های منتخب گندم نان با استفاده از مدل‌های MGIDI و FAI-BLUP و میانگین مجموع رتبه‌ها (ASR)
Figure 4. The Venn diagram for selected wheat genotypes using MGIDI and FAI-BLUP models, and average sum-rank (ASR)

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این تحقیق تاثیر معنی‌دار اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بر عملکرد جوانه‌زنی گندم تحت تنش پیری تسریع‌شده را نشان می‌دهند. تجزیه و تحلیل‌های انجام‌شده، از جمله تجزیه واریانس مرکب (ANOVA) و مدل‌های مختلف مانند AMMI و GGE بای‌پلات، اطلاعات مهمی را در خصوص پایداری ژنوتیپ‌ها در برابر تغییرات محیطی فراهم کردند. به‌ویژه، تجزیه و تحلیل AMMI توانست پیچیدگی‌های تعاملات ژنوتیپ و محیط را با دقت بالا مدل‌سازی کند و نشان دهد که ژنوتیپ‌هایی که به مرکز بای‌پلات نزدیک‌تر هستند، از پایداری بیشتری برخوردارند. مطابق با تحلیل GGE بای‌پلات، ژنوتیپ‌های ۵۵ (۶۲۳۳۷۹)، ۲۰۷ (۶۲۴۵۸۰)، ۱۹ (۶۲۷۳۵۹)، ۲۹ (۶۲۴۹۱۱)، ۲۲۷ (۶۲۴۸۹۴) و ۷۳ (۶۲۶۲۶۱) به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. همچنین، استفاده از آماره‌های مختلف پایداری، از جمله آماره‌های پارامتری و ناپارامتری، اطلاعات بیشتری را در خصوص انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار فراهم کرد. نتایج استفاده از مدل‌های جدید انتخاب مانند MGIDI و FAI-BLUP نیز به‌طور مؤثری ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار، از جمله ژنوتیپ‌های ۱۳۸ (آذر ۲)، ۱۴ (۶۲۳۵۰۸)، ۶۴ (۶۲۴۹۰۰)، ۶۷ (۶۲۷۱۸۹) و ۱۵۱ (۶۲۳۱۶۲) را شناسایی کردند. این مدل‌ها به‌ویژه در انتخاب ژنوتیپ‌های بهینه در آزمایش‌های محیطی چندگانه (METs) نقش مؤثری را ایفا می‌کنند و می‌توانند به بهبود استراتژی‌های به‌نژادی گیاهی و افزایش بهره‌وری کشاورزی کمک کنند. همچنین، بیشتر ژنوتیپ‌های انتخاب‌شده از نوع توده‌های بومی بودند که به‌دلیل تطابق بیشتر با شرایط محیطی، می‌توانند پایداری بیشتری را در برابر تغییرات محیطی و تنش‌های مختلف نشان دهند. این ویژگی، توده‌های بومی را به گزینه‌های مناسبی برای انتخاب در برنامه‌های به‌نژادی گیاهی تبدیل می‌کند. در نهایت، پیشنهاد می‌شود که مدل‌های انتخاب پیشرفته MGIDI و FAI-BLUP به‌طور ترکیبی با شاخص‌های مختلف پایداری برای شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل به شرایط محیطی مختلف و به‌طور خاص شرایط پیری تسریع شده مورد استفاده قرار گیرند. این رویکرد می‌تواند به بهینه‌سازی استراتژی‌های انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب برای مناطق مختلف کمک کند و موجب بهبود عملکرد و پایداری تولید محصولات کشاورزی شود.

References

Ahmed, K., Shabbir, G., & Ahmed, M. (2025). Exploring drought tolerance for germination traits of diverse wheat genotypes at seedling stage: a multivariate analysis approach. *BMC Plant Biology*, 25(1), 390. DOI: 10.1186/s12870-025-06345-9

Alipour, H., Abdi, H., Rahimi, Y., & Bihamta, M. R. (2021). Dissection of the genetic basis of genotype-by-environment interactions for grain yield and main agronomic traits in Iranian bread wheat landraces and cultivars. *Scientific Reports*, 11(1), 17742. DOI: 10.1038/s41598-021-96576-1

Alizadeh, B., Rezaizad, A., Hamedani, M. Y., Shiresmaeili, G., Nasserghadimi, F., Khademhamzeh, H. R., & Gholizadeh, A. (2022). Genotype× environment interactions and simultaneous selection for high seed yield and stability in winter rapeseed (*Brassica napus*) multi-environment trials. *Agricultural Research*, 11(2), 185-196. DOI: 10.1007/s40003-021-00565-9

Amini, A., Asadi, A. A., Chaichi, M., Ezt-Ahmadi, M., Ghasemi Kalkhoran, M., Eivazi, A. R., ... & Mirfakhraee, N. (2023). Investigating the stability of promising bread wheat genotypes in cold climate using AMMI and GGE biplot analysis. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 54(3), 119-134. DOI: 10.22059/ijfcs.2023.348569.654940 [In Persian]

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

Anuradha, N., Patro, T. S., Singamsetti, A., Sandhya Rani, Y., Triveni, U., Nirmala Kumari, A., ... & Tonapi, V. A. (2022). Comparative study of AMMI-and BLUP-based simultaneous selection for grain yield and stability of finger millet [*Eleusine coracana* (L.) Gaertn.] genotypes. *Frontiers in Plant Science*, 12, 786839. DOI: 10.3389/fpls.2021.786839

Chabili, A., Hakkoum, Z., Minaoui, F., Douma, M., Meddich, A., & Loudiki, M. (2025). Germination screen of eco-extracts from soil cyanobacteria and microalgae for their biostimulant effects on wheat seeds emergence and vigor. *Algal Research*, 104087. DOI: 10.1016/j.algal.2025.104087

Fan, Y. C., Yuan, Y. Q., Yuan, Y. C., Duan, W. J., & Gao, Z. Q. (2025). Research progress on the impact of climate change on wheat production in China. *Peer J*, 13, e18569. DOI: 10.7717/peerj.18569

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), 1791. DOI: 10.3923/pjbs.2008.1791.1796

Farshadfar, E., & Sutka, J. (2006). Biplot analysis of genotype-environment interaction in durum wheat using the AMMI model. *Acta Agronomica Hungarica*, 54(4), 459-467. DOI: 10.1556/AAgr.54.2006.4.8

Fatanatvash, S., Alipour, H., Darvishzadeh, R., & Ghiyasi, M. (2025). Identification of tolerant bread wheat genotypes to seed aging during germination and seedling growth stages. *Journal of Crop Breeding,* 17(2), 94-112. DOI: 10.61882/jcb.2024.1576 [In Persian]

Finlay, K. W., & Wilkinson, G. N. (1963). The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14(6), 742-754. DOI: 10.1071/AR9630742

Francis, T. R., & Kannenberg, L. W. (1978). Yield stability studies in short-season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. *Canadian Journal of Plant Science*, 58(4), 1029-1034. DOI: 10.4141/cjps78-157

Gholizadeh, A., Ghaffari, M., Rezaeizad, A., & Nadali, F. (2025). Studying the genotype× environment interaction and seed yield stability of new sunflower hybrids. *Plant Genetic Research*, 11(2), 65-82. DOI: 10.22077/escs.2025.7654.2289 [In Persian]

Hühn, M., & Léon, J. (1995). Nonparametric analysis of cultivar performance trials: experimental results and comparison of different procedures based on ranks. *Agronomy Journal*, 87(4), 627-632. DOI: 10.2134/agronj1995.00021962008700040004x

International Seed Testing Association (ISTA). (2024). International Rules for Seed Testing. Wallisellen, Switzerland: ISTA.

Jafari Nazarabadi, T., Nasrollahnejad Ghomi, A. A., Kordenaeej, A., & Zenalinezhad, K. (2022). Stability analysis of advanced bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines using AMMI method. *Journal of Plant Production Research*, 29(3), 127-141. DOI: 10.22069/JOPP.2022.19565.2883 [In Persian]

Jambhulkar, N. N., Rath, N. C., Bose, L. K., Subudhi, H. N., Biswajit Mondal, B. M., Lipi Das, L. D., & Meher, J. (2017). Stability analysis for grain yield in rice in demonstrations conducted during rabi season in India. *ORYZA-An International Journal of Rice*, 54(2).236-240. DOI: 10.5958/2249-5266.2017.00030.3

Jędzura, S., Bocianowski, J., & Matysik, P. (2023). The AMMI model application to analyze the genotype–environmental interaction of spring wheat grain yield for the breeding program purposes. *Cereal Research Communications*, 51(1), 197-205. DOI: 10.1007/s42976-022-00296-9

Kang, M. (1988). A rank-sum method for selecting high-yielding, stable corn genotypes. *Cereal Research Communication,* 16, 113-115. https://www.jstor.org/stable/23782771

Li, B. B., Zhang, W., Wei, S., Lv, Y. Y., Shang, J. X., & Hu, Y. S. (2022). Comprehensive proteome and lysine acetylome analysis after artificial aging reveals the key acetylated proteins involved in wheat seed oxidative stress response and energy production. *Journal of Food Biochemistry*, 46(12), e14495. DOI:10.1111/jfbc.14495

Li, T., Zhang, Y., Wang, D., Liu, Y., Dirk, L. M. A., Goodman, J., Downie, A. B., Wang, J., Wang, G., & Zhao, T. (2017) Regulation of seed vigor by manipulation of raffinose family oligosaccharides in maize and *Arabidopsis Thaliana*. *Molecular Plant*, 10, 1540–1555. DOI: 10.1016/j.molp.2017.10.014

McDonald, M. B. (1999) Seed deterioration: Physiology, repair and assessment. *Seed Science and Technology*, 27, 177–237.

Modarresi, R., Rucker, M., & Tekrony, D. M. (2002). Accelerating ageing test for comparing wheat seed vigour. *Seed Science and Technology*, 30(3), 683–687.

Moghaddaszadeh, M., Asghari Zakaria, R., Hassanpanah, D., & Zare, N. (2018). Non-parametric stability analysis of tuber yield in potato (*Solanum tuberosum* L.) genotype. *Journal of Crop Breeding*, 28, 50-63. DOI: 10.29252/jcb.10.28.50 [In Persian]

Mondal, S., & Bose, B. (2018). Accelerated Aging Affects the Germination Physiology of Wheat Seeds. *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology*, 11(1), 209-216. DOI: 10.30954/0974-1712.2018.00178.27

Najafi Mirak, T., Agaee Sarbarzeh, M., Moayedi, A., Kaffashi, A., & Sayahfar, M. (2021). Yield stability analysis of durum wheat genotypes using AMMI method. *Journal of Agricultural Science and Sustainable Production*, 31(2), 17-28. DOI: 10.22034/saps.2021.13087 [In Persian]

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]

Najafi Mirak, T., Moayedi, A. A., Sasani, S., & Ghandi, A. (2019). Evaluation of adaptation and grain yield stability of durum wheat (*Triticum turgidum* L.) genotypes in temperate agro-climate zone of Iran. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 21(2), 127-138. DOI: 10.29252/abj.21.2.127 [In Persian]

Nassar, R., & Hühn, M. (1987). Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. *Biometrics,* 43, 45–53. DOI: 10.2307/2531947

Olivoto, T., Lúcio, A. D., da Silva, J. A., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, 111(6), 2949-2960. DOI: 10.2134/agronj2019.03.0220

Olivoto, T., Diel, M. I., Schmidt, D., & Lúcio, A. D. (2022). MGIDI: a powerful tool to analyze plant multivariate data. *Plant Methods*, 18(1), 121. DOI: 10.1186/s13007-022-00952-5

Pinthus, M.J. Estimate of genotypic value: A proposed method. *Euphytica* 22, 121–123 (1973). DOI: 10.1007/BF00021563

Pour-Aboughadareh, A., Jadidi, O., Jamshidi, B., Bocianowski, J., & Niemann, J. (2025). Cross-talk between stability parameters and selection models: a new procedure for improving the identification of the superior genotypes in multi-environment trials. *BMC Research Notes*, 18(1), 306. DOI: 10.1186/s13104-025-07366-1

Pourdad, S., Moghaddam, M., Faraji, A., & Naraki, H. (2014). Study on different non-parametric stability methods on seed yield of spring rapeseed varieties and hybrids. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 44, 539-548. DOI: 10.22059/ijfcs.2013.50326 [In Persian]

Resende, M. D. V. (2007). *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Embrapa Florestas, Colombo, Brazil, 561 pp. ISBN: 978-85-89281-15-7.

Rocha, J. R., Machado, J. C., & Carneiro, P. C. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *Global Change Biology Bioenergy (GCB Bioenergy)*, 10(1), 52-60. DOI: 10.1111/gcbb.12443

Shi, H., Guan, W., Shi, Y., Wang, S., Fan, H., Yang, J., ... & Jing, R. (2020). QTL mapping and candidate gene analysis of seed vigor-related traits during artificial aging in wheat (*Triticum aestivum*). *Scientific Reports*, 10(1), 1-13. DOI: 10.1038/s41598-020-75778-z

Shukla, G. K. (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity,* 29, 237–245. https://doi.org/10.1038/hdy.1972.87

Sneller, C. H., Kilgore-Norquest, L., & Dombek, D. (1997). Repeatability of yield stability statistics in soybean. *Crop Science*, 37(2), 383-390. DOI: 10.2135/cropsci1997.0011183X003700020013x

Thennarasu, K. (1995). On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. *Ph.D., PJ School IARI, New Delhi, India*.

Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Mehraban, A., Hossein-Pour, T., Koohkan, E., Ghasemi, S., Moradkhani, H., & Siddique, K. H. (2019). Integrating different stability models to investigate genotype × environment interactions and identify stable and high-yielding barley genotypes. *Euphytica*, 215, 1-18. DOI: 10.1007/s10681-019-2386-5

Yan, W., & Kang, M. S. (2002). *GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. CRC press. DOI: 10.1201/9781420040371

Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., & Szlavnics, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop science*, 40(3), 597-605. DOI:10.2135/cropsci2000.403597x

Zali, H., Farshadfar, E., Sabaghpour, S. H., & Karimizadeh, R. (2012). Evaluation of genotype× environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model. *Annals of Biological Research*, 3(7), 3126-3136.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-22]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1639]