Sari Agriculture Sceinces and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 16, Issue 2, 2024 p: 42-52

OPEN ACCESS

Research Paper

Evaluation of Seed Yield Stability of Lentil Genotypes Based on REML/BLUP and Multi-Trait Stability Index (MTSI)

Payam Pezeshkpour[1], Reza Amiri[2], Iraj Karami[3] and Amir Mirzaei[4]

1- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran,
(Corresponding author: Papezeshkpour@yahoo.com)
2- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran
3- Dryland Agricultural Research Institute, Sararood Branch, Agricultural Research, Education and Extension (AREEO), Kermanshah, Iran
4- Assistant Professor, Ilam Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Ilam, Iran

Received: 13 November, 2023 Revised: 21 January, 2024 Accepted: 28 January, 2024 Available Online: 6 May, 2024

Extended Abstract

Background: Lentil is a popular legume crop in the Mediterranean region, widely grown for its nutritious seeds and improving soil fertility. Interest in legumes is increasing as a protein source to replace meat in the future. Identification of high-yield genotypes with adaptation to a wide range of environments is one of the major goals in crop and lentil breeding programs. Combining the best linear unbiased predictions (BLUP), additive main effects, and multiplicative interaction (AMMI) methods in multi-environment experiments and multi-trait stability selection (MTSI) helps to better evaluate plant genotypes and achieve more accurate results. Additive main effect and multiplicative interaction (AMMI) and BLUP are two methods for analyzing multi-environment trials. The linear mixed effects model (LMM) and the restricted maximum likelihood (REML) estimator methods are among the important methods that have been proposed to analyze the data of multi-environmental experiments. In this regard, the BLUPs obtained from the interaction of genotype and environment are performed with principal component analysis or single value analysis on the matrix. This method uses the stability index of the weighted average of absolute scores of the best unbiased linear forecasts (WAASB), the weighted average of the stability index of WAASB, and the dependent variable (WAASBY). Researchers have also proposed an MTSI based on factor analysis, in which grain yield, other traits, and the stability of each are simultaneously used to identify stable genotypes. This research aimed to identify stable and high-yielding lentil genotypes in autumn cultivation.

Methods: To evaluate the seed yield stability of 12 lentil genotypes along with three check genotypes, including Kimia, Bileh Sawar, and local landrace, an experiment was conducted as a randomized complete block design with three replications at Agricultural Research Stations of Khorramabad (Lorestan), Zanjireh (Ilam), and Sararoud (Kermanshah) in three cropping years (2019-2022). Each plot consisted of four lines with a length of 4 m and a distance of 25 cm from each other. iIn addition to the usual crop care such as weeding and pest control, the desired traits and characteristics, such as the number of days to 50% flowering, plant height, and number of days to maturity, were measured during the growing season. Hundred-seed weights and the yield of each plot were measured after the maturity and harvesting of experiments. Combined analysis of variance (ANOVA) was performed using SAS software, and the average traits of the treatments were compared using the LSD test. For statistical analyses, the Metan Ver.1.9.0 (multi-environment trial analysis) package was used in the R software environment. To estimate stability quantities, singular value decomposition (SVD) was applied to the matrix of BLUPs obtained from genotype-by-environment interactions with an LMM. Variance components were estimated by the REML method. After analyzing the variance of the data, the stability parameters of WAASB and WAASBY (for simultaneous selection based on average performance and stability) were estimated using the eigenvalues obtained from the AMMI analysis on BLUP, and the best genotypes were selected with these two indicators. Genotypic stability values were obtained from the Harmonic Average of the Genotypic Values (HMGV) index. The compatibility of genotypes

Copyright ©2024 Pezeshkpour 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 2026-02-13]

[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]

was evaluated based on the relative performance index of genotypic values (RPGV). The harmonic mean index and relative performance of genotypic value (HMRPGV) were used to simultaneously evaluate stability, compatibility, and seed yield.

Results: The effect of environment, genotype, and genotype × environment interaction were significant on seed yield, plant height, days to flowering, days to maturity, seed filling period, seed filling ratio, seed yield formation rate, rainfall efficiency, and single seed weight. The genotype effect was significant on all traits, except for the seed-filling period. Based on the biplot analysis, genotypes 4, 6, 7, 9, and 10 had higher yield stability in addition to the highest seed yield. The Scree test showed that the first three principal components explained 45.41, 19.13, and 14.34% of the genotype × environment interaction variation obtained from BLUP for grain yield, respectively; in total, they justified 78.87% of the variation. Based on a weighted average of absolute scores of WAASB, genotypes 6, 10, and 12 were high-yielding and stable. Genotypes 1 and 10 were superior based on the (MTSI). The harmonic mean and HMRPGV introduced genotypes 10, 9, 4, and 12 as the genotypes that had high stability and compatibility in addition to high seed yields.

Conclusion: Based on all the analyses, genotype 10 was the most stable genotype, which, in addition to seed yield, was superior to other genotypes in terms of the other measured traits and can be a candidate for introduction as a new cultivar.

Keywords: Adaptability, BLUP, Genetic values, LRT, REML

How to Cite This Article: Pezeshkpour, P., Amiri, R., Karami, I., & Mirzaei, A. (2024). Evaluation of Seed Yield Stability of Lentil Genotypes Based on REML/BLUP and Multi-Trait Stability Index (MTSI). *J Crop Breed,* 16(2), 42-52. DOI: 10.61186/ jcb.16.2.42

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]

[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]

مقاله پژوهشی

ارزیابی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های عدس بر پایه REML/BLUP و شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)

پیام پزشکپور[۱]، رضا امیری[۲]، ایرج کرمی[۳] و امیر میرزایی[۴]

۱- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران، (نویسنده مسوول: Papezeshkpour@yahoo.com)

۲- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران

۳- کارشناس، مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، معاونت سرارود، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران

۴- استادیار پژوهش، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۸/۲۲ تاریخ بازنگری: ۱۴۰۲/۱۱/۰۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۱/۸ تاریخ انتشار آنلاین: ۱۴۰۳/۰۲/۱۷

صفحه: ۴۲ تا ۵۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: عدس یکی از حبوبات مهم در مناطق مدیترانه‌ای است که به‌خاطر ارزش تغذیه‌ای و نقش آن در بهبود حاصلخیزی خاک، به‌طور گسترده‌ای کشت می‌گردد. علاقه به حبوبات، به‌عنوان یک منبع پروتئینی جایگزین گوشت در آینده، در حال افزایش هست. شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و سازگار به دامنه گسترده‌ای از محیط‌ها، یکی از هدف‌های عمده در برنامه‌های به‌نژادی گیاهان زراعی از جمله عدس می‌باشد. ترکیب دو روش ارزیابی پایداری بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) و اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش‌های ضرب‌پذیر (AMMI) در آزمایش‌های ناحیه‌ای و گزینش پایداری چندصفتی (MTSI)، به ارزیابی بهتر ژنوتیپ‌های گیاهی و دستیابی به نتایج دقیق‌تر کمک می‌کند. مدل‌های اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI) و بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP)، از جمله روش‌های چند متغیره کاربردی در ارزیابی آزمایش‌های چند محیطی هستند. مدل اثرهای مختلط خطی (LMM) و روش برآوردگر حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML)، از روش‌های مهمی هستند که برای تجزیه داده‌های آزمایش‌های چند محیطی پیشنهاد شده‌اند. در این راستا، با تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یا تجزیه ارزش منفرد بر روی ماتریس، بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUP ها) به‌دست آمده از برهمکنش ژنوتیپ و محیط انجام می‌شود. در این روش از شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (WAASB)، میانگین وزنی شاخص پایداری WAASB و متغیر وابسته (WAASBY) استفاده می‌شود. محققان شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) بر مبنای تجزیه عاملی را نیز پیشنهاد کرده‌اند که در آن، عملکرد دانه و صفات دیگر و پایداری هر کدام از آن‌ها به طور همزمان برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار استفاده می‌شود. این پژوهش برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول عدس در کشت پائیزه انجام شد.

مواد و روش‌ها: برای ارزیابی پایداری عملکرد دانه ۱۲ ژنوتیپ عدس به همراه سه شاهد کیمیا، بیله سوار و توده محلی، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در ایستگاه‌های تحقیقات کشاورزی خرم‌آباد (لرستان)، زنجیره (ایلام) و سرارود (کرمانشاه) به‌مدت سه سال زراعی (۴۰۱ -۱۳۹۸) اجرا گردید. هر کرت شامل چهار خط کاشت به‌طول چهار متر و با فاصله ۲۵ سانتی‌متر از یکدیگر بود. در طول فصل رشد، علاوه بر مراقبت‌های معمول زراعی نظیر وجین علف‌های هرز و مبارزه با آفات، از صفات و خصوصیات موردنظر مانند تعداد روز تا ۵۰٪ گلدهی، ارتفاع بوته و تعداد روز تا رسیدگی یاداشت‌برداری به‌عمل آمد. پس از رسیدگی و برداشت آزمایش، وزن صد دانه و عملکرد هر کرت اندازه‌گیری گردید. تجزیه واریانس مرکب با استفاده از نرم‌افزار SAS انجام و میانگین صفات تیمارها به‌روش LSD مورد مقایسه قرار گرفت. برای تجزیه‌های آماری، بسته تجزیه آزمایش‌های چند محیطی با نام Metan Ver.1.9.0 در محیط نرم‌افزار R به‌کار گرفته شد. برای برآورد کمیت‌های پایداری، تجزیه مقادیر منفرد (SVD) بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUPها) به‌دست آمده از برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط با یک مدل اثر مختلط خطی (LMM) به‌کار برده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) برآورد شدند. پس از تجزیه واریانس داده‌ها، برای برآورد پارامترهای پایداری WAASB و WAASBY (برای انتخاب همزمان بر اساس میانگین عملکرد و پایداری) ریشه‌های مشخصه حاصل از تجزیه AMMI بر روی BLUP، به‌کار برده شدند و بهترین ژنوتیپ‌ها با این دو شاخص گزینش شدند. از شاخص میانگین هارمونیک ارزش‌های ژنوتیپی (HMGV)، مقادیر پایداری ژنوتیپی به‌دست آمد. سازگاری ژنوتیپ‌ها بر پایه شاخص عملکرد نسبی ارزش‌های ژنوتیپی (RPGV) ارزیابی شد. شاخص میانگین هامونیک و عملکرد نسبی ارزش ژنوتیپی (HMRPGV) برای ارزیابی همزمان پایداری، سازگاری و عملکرد دانه استفاده شد.

یافته‌ها: اثر محیط، ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر صفات عملکرد دانه، ارتفاع بوته، تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، دوره پر شدن دانه، سرعت پر شدن دانه، سرعت تشکیل عملکرد دانه، بهره‌وری از بارش و متوسط وزن تک دانه، معنی‌دار بود. اثر ژنوتیپ بر همه صفات به‌جز دوره پر شدن دانه معنی‌دار بود. بر پایه تجزیه بای پلات، ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۷، ۹ و ۱۰ علاوه بر داشتن بیشترین عملکرد دانه، از پایداری عملکرد بیشتری هم برخوردار بودند. آزمون اسکری نشان داد سه مؤلفه اصلی اول، به‌ترتیب ۴۵/۴۱، ۱۹/۱۳ و ۱۴/۳۴ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط به‌دست آمده از BLUP را برای عملکرد دانه و روی هم ۷۸/۸۷ درصد از تغییرات را توجیه کردند. بر اساس شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (WAASB) ژنوتیپ‌های ۶ ، ۱۰ و ۱۲ پرمحصول و پایدار بودند. ژنوتیپ‌های ۱ و ۱۰ از نظر شاخص گزینش چند صفتی (MTSI)، ژنوتیپ‌های برتر بودند. شاخص میانگین هارمونیک و عملکرد نسبی ارزش ژنوتیپی (HMRPGV)، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۹، ۴ و ۱۲ را به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی معرفی کرد که علاوه بر عملکرد دانه، از پایداری و سازگاری بالایی نیز برخوردار بودند.

نتیجه‌گیری: در مجموع و بر اساس تمام تجزیه‌ها، ژنوتیپ ۱۰ پایدارترین ژنوتیپ بود که علاوه بر عملکرد دانه، از نظر سایر صفات اندازه‌گیری شده نیز بر ژنوتیپ‌های دیگر برتری داشت و می‌تواند نامزد معرفی به‌عنوان رقم جدید باشد.

واژه‌های کلیدی: آزمون نسبت درستنمایی، ارزش‌های ژنتیکی، بهترین پیش‌بینی نااریب خطی، حداکثر درستنمایی محدود شده، سازگاری

مقدمه

امروزه علاقه به حبوبات دانه‌ای از جمله عدس که منبع اصلی جایگزین گوشت در آینده می‌باشند، در حال افزایش است (Sellami et al., 2021). عدس یک لگوم خوراکی، خودگشن و دیپلوئید (2n=2x=14) است که عمدتاً در شبه قاره هند، منطقه مدیترانه و آمریکای شمالی کشت و زرع می‌گردد. به‌علت وجود باکتری‌های تثبیت کننده نیتروژن در ریشه، این گیاه موجب تثبیت بیولوژیکی نیتروژن گردیده و علاوه بر تأمین

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]

[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]

نیتروژن موردنیاز گیاه، سالانه با توجه به شرایط آب و هوایی، وضعیت خاک و نوع رقم، مقداری نیتروژن خالص به خاک می‌افزاید. بنابراین موجب حاصلخیزی خاک مخصوصاً در مناطق دیم می‌گردد و از این حیث یک تناوب مناسب برای غلات دیم محسوب می‌شود (Kochaki and Banayan aval, 1993). عدس دارای عناصر غذایی بالایی است. درصد پروتئین دانه عدس می‌تواند تا ۳۰ درصد برسد. وجود ویتامین‌ها نیز به‌ویژه در گروه B در دانه عدس قابل‌توجه است. آهن در دانه عدس به‌میزان بیشتری نسبت به دانه گندم و برنج وجود دارد (Sellami *et al.*, 2019).

عملکرد دانه عدس مانند محصولات زراعی دیگر به‌شدت تحت‌تأثیر تنش‌های زیستی و غیرزیستی قرار می‌گیرد (Sellami *et al.*, 2019). عوامل مختلفی در پایین بودن عملکرد گیاه عدس مؤثر هستند که از آن جمله می‌توان به پتانسیل پایین عملکرد توده‌های محلی و پایداری ضعیف آن‌ها به شرایط مختلف محیطی اشاره نمود (Sabaghpour *et al.*, 2004).

اهداف اصلی اصلاح ژنتیکی عدس ثبات تولید، کیفیت بذر و راندمان تثبیت نیتروژن بالاتر است (Zaccardelli *et al.*, 2010). اخیراً یک فعالیت انتخاب ژنتیکی دقیق برای انتخاب گونه‌های عدس غنی از پروتئین و مناسب برای مکانیزاسیون توسعه یافته است (Zaccardelli *et al.*, 2010). بهره ژنتیکی جزو مهمی در اصلاح نباتات است که نقش مهمی در توسعه برنامه‌های اصلاحی ایفا می‌کند. در عین حال، انتخاب بر اساس یک صفت، مناسب‌ترین روش نیست، زیرا هیچ اطمینانی از دستاوردهای ژنتیکی در سایر صفات مهم وجود ندارد (Jahufer and Casler, 2015). پروژه‌های اصلاحی بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر عدس با استفاده از عملکرد و صفات مختلف به‌طور همزمان در نظر گرفته شده است (Sellami *et al.*, 2021). با این‌حال، این برنامه‌های اصلاح عدس با استفاده از این روش، با محدودیت‌هایی مانند انتخاب ژرم‌پلاسم، ژنتیک و روابط ژنتیکی بین صفات تحت انتخاب، مواجهه می‌باشد (Sellami *et al.*, 2021; Olivoto and Nardino, 2021).

شاخص‌های انتخاب جدید بر پایه انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با استفاده از عملکرد و صفات مختلف به‌طور همزمان، مانند شاخص فاصله ژنوتیپ–ایدئوتیپ چندصفتی (Olivoto and Nardino, 2021)، شاخص چندصفتی بر اساس طرح ایدئوتیپ (Rocha *et al.*, 2018) و شاخص پایداری چندصفتی (MTSI) (Olivoto *et al.*, 2019b) معرفی شده‌اند.

برای معرفی یک رقم جدید زراعی، علاوه بر عملکرد دانه، ویژگی‌های زیاد دیگری نیز در نظر گرفته می‌شوند که بیشتر آن‌ها با یکدیگر و با عملکرد دانه همبستگی بالایی دارند. برای استفاده از چنین ویژگی‌هایی، شاخصی با نام شاخص پایداری چندصفتی (MTSI)[1] را بر مبنای عاملی معرفی کردند که در آن عملکرد دانه و همه صفات اندازه‌گیری شده دیگر و پایداری هرکدام از آن‌ها به‌طور هم زمان ارزیابی می‌شوند (Olivoto *et al.*, 2019a).

شاخص پایداری چندصفتی (MTSI)، یک شاخص انتخاب است که از میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ با انتخاب چند صفت استفاده می‌کند. این شاخص مبتنی بر تحلیل عاملی می‌باشد که نمرات عامل‌های هر ایدئوتیپ با توجه به فاکتورهای مطلوب و نامطلوب طراحی شده است. سپس، بر اساس فاصله ژنوتیپ –ایدئوتیپ، یک احتمال فضایی محاسبه می‌شود که رتبه‌بندی ژنوتیپ را ممکن می‌سازد. از این‌رو، ژنوتیپ دارای کمترین مقدار MTSI، به ایدئوتیپ نزدیک‌تر است و میانگین عملکرد و ثبات بیشتری را در همه متغیرهای تحلیل شده نشان می‌دهد (Olivoto *et al.*, 2019b).

ارقام جدید گیاهان زراعی علاوه بر اینکه باید کارایی بالایی برای عملکرد و سایر صفات از خود نشان دهند، برتری آن‌ها بایستی در دامنه وسیعی از شرایط محیطی محرز گردد (Lin and Binns, 1991). اثر متقابل ژنوتیپ × محیط معنی‌دار، ناشی از تغییر در میزان اختلاف بین ژنوتیپ‌ها در محیط‌های متفاوت و یا تغییر در رتبه‌بندی نسبی ژنوتیپ‌ها می‌باشد. تغییرات کم در ژنوتیپ‌ها در مکان‌ها و سال‌های مختلف به‌عنوان پایداری ذکر می‌گردد (Fernandez, 1991). برهمکنش‌های ژنوتیپ و محیط، پاسخ‌های متفاوت ژنوتیپ‌ها را در محیط‌های مختلف نشان می‌دهد و تغییر در رتبه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، به برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط می‌انجامد (Holland, 2006). بنابراین، یکی از جنبه‌های مهم در ارزیابی ژنوتیپ‌های پیشرفته و امیدبخش، افزون بر عملکرد و ویژگی‌های دیگری همچون مقاومت به آفات و بیماری‌ها، پایداری صفات بررسی شده در آزمایش‌های چند محیطی است که بیانگر نوسان اندک عملکرد در مکان‌ها یا سال‌های مختلف است (Yan and Kang, 2002). تجزیه پایداری برای شناسایی ژنوتیپ‌هایی به‌کار می‌رود که کمتر تحت‌تأثیر تغییرات محیطی قرار بگیرند و برای طیف وسیعی از محیط‌ها توصیه شوند (Yan and Kang, 2002). روش‌های زیادی برای تجزیه پایداری پیشنهاد شده است که روش‌های پارامتری (تک متغیره یا چند متغیره) و ناپارامتری را در بر می‌گیرند. مدل اثرهای مختلط خطی (LMM)[2] و روش برآوردگر حداکثر درست نمایی محدود شده (REML)[3]، از روش‌های مهمی هستند که برای تجزیه داده‌های آزمایش‌های چند محیطی پیشنهاد شده‌اند (Olivoto *et al.*, 2019a). در این راستا، با تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یا تجزیه ارزش منفرد بر روی ماتریس، بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUPها)[4] به‌دست آمده از برهمکنش ژنوتیپ و محیط انجام می‌شود (Olivoto *et al.*, 2019a). در این روش از شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (WAASB)[5] و میانگین وزنی شاخص پایداری WAASB و متغیر وابسته (WAASBY) استفاده می‌شود (Olivoto *et al.*, 2019b). محققان شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)[6] بر مبنای تجزیه عاملی را نیز پیشنهاد کرده‌اند که در آن، عملکرد دانه و صفات دیگر و پایداری هرکدام از آن‌ها به‌طور همزمان برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار استفاده می‌شود. از این روش در عدس (Sellami *et al.*, 2021)، نخود (Pezeshkpour and Karimizadeh, 2023) و جو (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2023) نیز استفاده شده است. در مطالعه‌ای با ارزیابی ۳۰ ژنوتیپ عدس در دو سال زراعی و در چهار منطقه، از روش

1- Multi – trait stability index
2- Linear mixed-effects models
3- Restricted estimator maximum likelihood
4- Best linear unbiased predictors
5- Weighted average of absolute scores of best linear
6- Weighted average of WAASB and response variable

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]
[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]

REML برای ارزیابی معنی‌داری اثر ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ در محیط استفاده شد (Bhattacharya *et al.*, 2022). علاوه بر روش بالا، روش میانگین هارمونیک و عملکرد نسبی ارزش ژنوتیپی (HMRPGV)[1] نیز برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها بر پایه REML/BLUP پیشنهاد شده است (de Resende, 2007). روش HMRPGV، اطلاعات مربوط به سازگاری، پایداری و عملکرد را در واحد اندازه‌گیری شده و در همان مقیاس صفت ارزیابی شده ارائه می‌دهد. هرچه انحراف معیار رفتار ژنوتیپی در محیط‌ها کمتر باشد، میانگین هارمونیک ارزش‌های ژنوتیپی آن‌ها در محیط‌های مختلف، بیشتر خواهد بود (de Resende, 2007). بنابراین انتخاب برای بالاترین مقادیر HMRPGV، امکان انتخاب همزمان برای عملکرد و پایداری را فراهم می‌کند. از این روش، پژوهشگران برای ارزیابی پایداری باقلا (Sharifi *et al.*, 2022) و گندم (Coan *et al.*, 2018) بهره گرفته‌اند. پژوهشگران با استفاده از روش‌های تک متغیره پارامتری و ناپارامتری، ژنوتیپ‌های پایدار عدس را شناسایی کرده‌اند (Namdari *et al.*, 2022; Sabaghnia *et al.*, 2006). پژوهشگران از روش‌های چند متغیره همچون AMMI (از جمله شاخصASV) و GGE- biplot نیز برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار عدس بهره گرفته‌اند (Ghaffar *et al.*, 2023; Jeberson *et al.*, 2019). هدف از پژوهش حاضر، شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا، پایدار از نظر عملکرد دانه و مطلوب از نظر سایر صفات با بهره‌گیری از شاخص‌های مدل اثرهای مختلط محیطی (LMM) است.

مواد و روش‌ها

این پژوهش برای دستیابی به ارقام پرمحصول و سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق دیم گرمسیری و نیمه‌گرمسیری کشور انجام شد. دوازده ژنوتیپ پیشرفته عدس که از آزمایشات مقایسه عملکرد ژنوتیپ‌های پیشرفته عدس در سال زراعی ۱۳۹۷–۹۸ انتخاب شده بودند (جدول ۱)، به‌همراه سه رقم شاهد کیمیا، بیله‌سوار و توده محلی در ایستگاه‌های تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی سراب چنگائی خرم‌آباد (لرستان)، زنجیره (ایلام) و سرارود (کرمانشاه) (جدول ۲) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار و به‌مدت سه سال زراعی (۱۳۹۸–۴۰۱)، مورد ارزیابی قرار گرفتند. هر کرت شامل چهار خط چهار متری به فاصله ۲۵ سانتی‌متر از یکدیگر بود. پس از شخم و آماده‌سازی زمین که شامل دیسک و لولر و ایجاد شیار در پاییز بود، با مساعد شدن شرایط اقلیمی منطقه، کشت آزمایشات در ۲۵ آذر صورت پذیرفت. مقدار کود لازم پس از آزمایش خاک طبق توصیه‌های بخش خاک و آب مورد استفاده قرار گرفت. در طول فصل رشد، علاوه بر مراقبت‌های معمول زراعی نظیر وجین علف‌های هرز و مبارزه با آفات، از صفات و خصوصیات موردنظر مانند تعداد روز تا ۵۰٪ گلدهی، ارتفاع بوته و تعداد روز تا رسیدگی یاداشت‌برداری به‌عمل آمد. پس از رسیدگی و برداشت آزمایش، وزن صد دانه و عملکرد هر کرت اندازه‌گیری گردید و تجزیه مرکب با استفاده از نرم افزار SAS انجام و میانگین صفات تیمارها به‌روش LSD مورد مقایسه قرار گرفت. عملکرد دانه، وزن صد دانه، ارتفاع بوته، تعداد روز تا ۵۰ درصد گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، دوره پر شدن دانه (KFP) و سرعت پرشدن دانه (KFR) در سال‌های مختلف برای هر ژنوتیپ اندازه‌گیری شد. ارتفاع بوته از میانگین پنج بوته در هر کرت اندازه‌گیری شده است. تعداد روز تا رسیدگی، از تاریخ کاشت تا ۹۵٪ رسیدگی دانه محاسبه شد. فاصله زمانی بین ۵۰ درصد گلدهی تا رسیدن فیزیولوژیک به‌عنوان طول دوره پرشدن دانه در نظر گرفته شد. از تقسیم وزن دانه به تعداد دانه، متوسط وزن تک دانه در گیاه به‌دست آمد. از حاصل تقسیم میانگین وزن تک دانه بر طول دوره پرشدن دانه، میانگین سرعت پرشدن دانه به میلی‌گرم دانه در روز به‌دست آمد. برای تجزیه‌های آماری، بسته تجزیه آزمایش‌های چند محیطی با نام Metan Ver.1.9.0 (Multi environment trial analysis) (Olivoto *et al.*, 2019b)، در محیط نرم‌افزار R به‌کار گرفته شد. یکنواختی خطاهای آزمایشی در محیط‌ها با روش بارتلت آزموده شد و سپس تجزیه واریانس مرکب داده‌ها با فرض ثابت بودن اثر ژنوتیپ و تصادفی بودن اثر سال و مکان با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) انجام شد. معنی‌داری اثرهای تصادفی با آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) و اثرهای ثابت با روش کمترین مربعات آزموده شدند (Olivoto *et al.*, 2019a). برای برآورد کمیت‌های پایداری، تجزیه مقادیر منفرد (SVD) بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUPها) به‌دست آمده از برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط با یک مدل اثر مختلط خطی (LMM) به‌کار برده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برآورد شدند. پس از تجزیه واریانس داده‌ها، برای برآورد پارامترهای پایداری WAASB و WAASBY (برای انتخاب همزمان بر اساس میانگین عملکرد و پایداری) ریشه‌های مشخصه حاصل از تجزیه AMMI بر روی BLUP، به‌کار برده شدند (روابط ۱ و ۲) و بهترین ژنوتیپ‌ها با این دو شاخص گزینش شدند (Olivoto *et al.*, 2019a). شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) نیز از رابطه ۳ برآورد شد (Olivoto *et al.*, 2019b).

$$\mathrm{WAASB_i} = \frac{\sum_{k=1}^{p} |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^{p} EP_k} \qquad \text{رابطه (۱)}$$

$$\mathrm{WAASBY} = \frac{\left\{W_Y \times \left[\left(\frac{GY_i}{GY_{max}}\right) \times 100\right]\right\} + \left[W_S \times \left(100 - \frac{WAASB_i}{WAASB_{min}}\right)\right]}{W_Y + W_S} \qquad \text{رابطه (۲)}$$

$$\mathrm{MTST_i} = \left[\sum_{j=1}^{f} (F_{ij} - F_j)\right]^{0.5} \qquad \text{رابطه (۳)}$$

در روابط ۱ و ۲، WAASBi، میانگین وزنی قدر مطلق امتیازات ژنوتیپ iام، IPCAik، نمره ژنوتیپ iام در Kامین محور مؤلفه اصلی برهمکنش (IPCA) و EPk، مقدار واریانس توجیه شده توسط Kامین IPCA است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAASB پایدار در نظر گرفته می‌شود (Olivoto *et al.*, 2019a). WAASBYi میانگین وزنی WAASB و عملکرد دانه (GY) برای ژنوتیپ iام، WY وزن داده‌شده به متغیر پاسخ (در این مورد، عملکرد دانه)، GYi میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ iام با توجه به تمام محیط‌ها، GYmax بالاترین متوسط عملکرد دانه مشاهده شده، Ws وزن نسبت داده‌شده به شاخص پایداری (در این مورد، شاخص WAASB) و WAASBmin، کمترین مقدار WAASB مشاهده‌شده در بین ژنوتیپ‌ها است.

1- Harmonic mean and of the relative performance of genotypic values

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]
[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]

در رابطه ۳، MTSI: شاخص پایداری چند صفتی برای ژنوتیپ i ام، Fij، نمره j ام ژنوتیپ i ام، و Fj، نمره j ام ژنوتیپ ایده‌ال است. از شاخص میانگین هارمونیک ارزش‌های ژنوتیپی (HMGV)[1]، مقادیر پایداری ژنوتیپی به‌دست آمد (رابطه ۴). سازگاری ژنوتیپ‌ها بر پایه شاخص عملکرد نسبی ارزش‌های ژنوتیپی (RPGV)[2] (رابطه ۵) ارزیابی شد و شاخص میانگین هامونیک و عملکرد نسبی ارزش ژنوتیپی (HMRPGV) (رابطه ۶)، برای ارزیابی همزمان پایداری، سازگاری و عملکرد دانه استفاده شد (de Resende, 2007).

$$HMGV \frac{I}{\sum_{i=1}^{I} \frac{1}{GVij}}$$ (رابطه ۴)

$$RPGV=\frac{1}{I}\left[\frac{\sum GVij}{\mu j}\right]$$ (رابطه ۵)

$$HMRPGV=\frac{I}{\sum_{i=1}^{I} RPGVij}$$ (رابطه ۶)

که در این روابط، μj: میانگین کلی برای هر محیط j، و I = تعداد محیط‌ها است. در رابطه GV_{ij} ،GV_{ij}: $U_j + g_i + ge_{ij}$: ارزش ژنوتیپی i امین ژنوتیپ و محیط خاص j، U_j: میانگین محیط i، و g_i و ge_{ij}: به‌ترتیب ارزش‌های BLUB ژنوتیپ i و برهمکنش بین ژنوتیپ j و محیط i هستند.

جدول ۱- اسامی ارقام و ژنوتیپ‌های امیدبخش عدس مورد استفاده در آزمایش

Table 1. Names of promising lentil cultivars and genotypes used in the experiment

کد ژنوتیپ Code	نام ژنوتیپ Name	کد ژنوتیپ Code	نام ژنوتیپ Name	کد ژنوتیپ Code	نام ژنوتیپ Name	کد ژنوتیپ Code	نام ژنوتیپ Name
G1	010S96146-5	G5	010S96105-1	G9	09S182109-16	G13	Local
G2	2009S96575-1	G6	ILL2261	G10	09S96510-13	G14	Kymia
G3	Ibia-1	G7	010S961130-2	G11	09S83191-05	G15	Bileh Savar
G4	09S83227-04	G8	010S916122-3	G12	ILL1325		

جدول ۲- ویژگی‌های جغرافیایی و هواشناسی مکان‌های آزمایشی

Table 2. Geographical and metrological characteristics of the experimental locations

میانگین بارندگی سالیانه Average annual rainfall (mm)	میانگین دمای سالیانه Average annual temperature (°C)	عرض جغرافیایی latitude	طول جغرافیایی Longitude	ارتفاع از سطح دریا Altitude (m)	مکان	Location
533.6	15.44				خرم‌آباد سال اول	Khorramabad first year
304.9	16.5	33 39 ′ N	48 ′ 28 ′ E	1125	خرم‌آباد سال دوم	Khorramabad second year
307	14.6				خرم‌آباد سال سوم	Khorramabad third year
518.9	15.6				سرارود سال اول	Sararood first year
312	13.1	34°20 ′ N	47°20′ E	1351	سرارود سال دوم	Sararood second year
261	15				سرارود سال سوم	Sararood third year
603.6	15.05				ایلام سال اول	Ilam first year
302	17.5	33 47 ′ N	46°36 ′ E	975	ایلام سال دوم	Ilam second year
223.6	15.9				ایلام سال سوم	Ilam third year

نتایج و بحث

ارزیابی فاکتورهای تصادفی و ثابت، برآورد اجزای واریانس و تخمین میانگین‌های پیش‌بینی شده

آزمون اسکری[3] نشان داد سه مؤلفه اصلی اول، به‌ترتیب ۴۵/۴۱، ۱۹/۱۲۸ و ۱۴/۳۴ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط به‌دست آمده از BLUP را برای عملکرد دانه و روی هم ۷۸/۸۷ درصد از تغییرات را توجیه کردند. اثر هفت مؤلفه اصلی اول در برهمکنش ژنوتیپ × محیط معنی‌دار بود (نتایج ارائه نشده است). بزرگی درصد توجیه واریانس کل توسط هریک از مؤلفه‌ها در تفکیک بهتر ژنوتیپ‌ها و اعتبار روابط مشاهده شده، مؤثر است. در روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ترکیب خطی متغیرها برای تبیین بیش‌ترین مقدار واریانس آن‌ها به‌گونه‌ای برآورد می‌شود که اولین مؤلفه، بیشترین واریانس متغیرها را تبیین کند و مؤلفه دوم، بیشترین مقدار واریانس باقیمانده را بعد از مؤلفه اول، توضیح می‌دهد که توسط مؤلفه اول بیان نشده است (Sharifi, 2020).

همانند نتیجه پژوهش حاضر، محققان دیگر نیز سهم نسبتاً بالای مؤلفه‌های اصلی اول در توجیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط در عدس را گزارش کردند (Jeberson *et al.*, 2019). با توجه به تصادفی بودن اثر محیط و برهمکنش ژنوتیپ × محیط، از آزمون نسبت درستنمایی (LRT)[4] برای ارزیابی آن‌ها استفاده شد که نتایج نشان داد، اثر محیط و برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه، ارتفاع بوته، تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا رسیدگی، دوره پر شدن دانه، سرعت پر شدن دانه، سرعت تشکیل عملکرد دانه، بهره‌وری از بارش و وزن تک دانه معنی‌دار بود. با توجه به ثابت بودن اثر ژنوتیپ، برای ارزیابی آن از روش کمترین میانگین مربعات استفاده شد که نتایج نشان داد، اثر ژنوتیپ بر همه صفات به‌جز دوره پر شدن دانه معنی‌دار بود (جدول ۳). نسبت اجزای واریانس برآورد شده با روش حداکثر درستنمایی محدود شده (REML) به واریانس فنوتیپی نشان داد که ۵۸/۶۷ درصد از واریانس فنوتیپی عملکرد دانه به‌وسیله واریانس برهمکنش ژنوتیپ در محیط توجیه شد (جدول ۴). اثر ژنوتیپ، تنها توجیه کننده ۱۲/۰۲ درصد از واریانس برآورد شده بود و ۲۹/۳۱ درصد واریانس نیز توسط اثر باقیمانده توجیه گردید (جدول ۴). اثر باقیمانده عمدتاً به اثر محیط مربوط می‌شود که با توجه به تفاوت‌های زیاد بین محیط‌های آزمایشی از نظر ویژگی‌های خاک، مقدار و پراکنش بارندگی و سایر عوامل قابل توجیه است. نتایج تحقیقات محققان روی عدس نیز نشان داده است که بخش عمده واریانس توسط اثر محیط توجیه می‌شود (Abo-Hegazy *et al.*, 2013; Barrios *et al.*, 2016; Yadav *et al.*, 2016). پژوهشگران دیگری نیز برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ ×محیط را بر عملکرد دانه عدس با تجزیه واریانس به‌روش کمترین مربعات (Akinci *et al.*, 2018; Dehghani *et al.*, 2008; Karimizadeh *et al.*, 2013) و روش درستنمایی محدود شده (Bhattacharya *et al.*, 2022) را گزارش کردند. برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط بیانگر این است که عملکرد ژنوتیپ‌ها از محیطی به

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]
[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]

محیط دیگر دارای نوسان است، بنابراین برآورد بهترین پیش‌بینی‌های نااریب خطی (BLUPها) و انجام تجزیه AMMI بر روی آن‌ها، می‌تواند به شناسایی پایدارترین ژنوتیپ‌ها کمک کند (Olivoto et al., 2019a).

تفسیر بای‌پلات

بای‌پلات نوع سوم (عملکرد دانه در برابر میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB)، برای ارزیابی همزمان ژنوتیپ‌ها از نظر میانگین عملکرد دانه و پایداری با شاخص WAASB به‌کار گرفته شد (شکل ۱). در چارک اول این نمودار، ژنوتیپ ۱۳ دارای عملکرد کمتر از متوسط و همچنین ناپایدار از نظر شاخص WAASB بودند. این ژنوتیپ مناسب محیط ۳ (لرستان سال سوم) بود. ژنوتیپ‌های ۲ و ۱۲ در چارک دوم، با آن که دارای عملکرد بالاتر از میانگین عملکرد کل بودند، اما به‌دلیل مقدار بالای WAASB، ناپایدار بودند. ژنوتیپ ۱۲ در این ناحیه در نزدیک مبدأ بای‌پلات، ژنوتیپی با پایداری عمومی بالا بود.

محیط ۱ (لرستان، سال اول) با توجه به سهم بالا در برهمکنش ژنوتیپ در محیط، محیطی با توانایی شناسایی بالا بود و بهتر می‌تواند ژنوتیپ‌های پایدار را از یکدیگر جدا کند (Yan and Kang, 2002). ژنوتیپ‌های۳، ۸، ۱۴ و ۱۵ در چارک سوم با وجود عملکرد کمتر از میانگین کل، به‌دلیل مقادیر پایین WAASB، پایدار بودند. محیط‌های ۵ (ایلام، سال اول)، ۶ (ایلام، سال دوم)، ۸ (سرارود، سال دوم) و ۹ (سرارود، سال سوم) در این ناحیه علاوه بر عملکرد کم، از توانایی جداکنندگی پایین‌تری نیز برخوردار بودند. ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۷، ۹ و ۱۰ در چارک چهارم، دارای عملکرد بیشتر از متوسط عملکرد ژنوتیپ‌ها و پایداری بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر بودند. محیط‌ها در این بای‌پلات، به روشنی به چهار محیط بزرگ تقسیم شدند که شامل محیط‌های ۵ (ایلام، سال اول)، ۶ (ایلام، سال دوم)، ۸ (سرارود، سال دوم) و ۹ (سرارود، سال سوم) با عملکرد و توانایی جداکنندگی پایین، محیط ۳ (لرستان، سال سوم) با کمترین عملکرد و توانایی جداکنندگی متوسط، و محیط‌های ۱، ۴ و ۲ به‌ترتیب لرستان در سال اول، ایلام در سال اول و لرستان در سال دوم با عملکرد و توانایی جداکنندگی بالا و محیط ۷ با عملکرد بالا و توانایی جدا کنندگی بالا بودند. از آنجاکه این نمودار (شکل ۱) بر اساس شاخص WAASB ترسیم شده است که در محاسبه آن از تمامی مؤلفه‌های اصلی معنی دار استفاده شده است، پایداری ژنوتیپ‌ها و همچنین توانایی نمایندگی و جداکنندگی محیط‌ها را به‌خوبی نشان می‌دهد و ژنوتیپ‌های برگزیده با آن، دارای پایداری بهتری هستند (Olivoto *et al.*, 2019a).

جدول ۳- ارزیابی معنی‌داری فاکتورها در مدل مختلط برای اثرهای تصادفی با آزمون نسبت درستنمایی و برای اثر ثابت ژنوتیپ با تجزیه واریانس
Table 3. Significance of factors evaluation for random effects by LRT(χ^2) and for fixed effects by ANOV

منابع تغییرات SOV	عملکرد دانه Seed yield		وزن صد دانه 100 seed weight		ارتفاع بوته Plant height		تعداد روز تا رسیدگی Days to maturity		تعداد روز تا گلدهی Days to flowering	
	میانگین مربعات ژنوتیپ (MSG)									
ژنوتیپ Gen	44012**		1.742**		8.741**		5.610*		5.145**	
	LRT (χ^2) Likelihood ratio test									
	کای اسکوئر χ2	مقدار احتمال p-Value	کای اسکوئر χ2	مقدار احتمال p-Value	کای اسکوئر χ2	مقدار احتمال p-Value	کای اسکوئر χ2	مقدار احتمال p-Value	کای اسکوئر χ2	مقدار احتمال p-Value
ژنوتیپ Gen	19.315	1.108e-05	36.225	1.758e-09	4.968	0.02582	4.129	0.04216	6.468	0.01098
محیط Env.	60.540	7.21e-15	3.650	0.05608	40.233	2.254e-10	104.647	< 2.2e-16	118.97	< 2.2e-16
ژنوتیپ× محیط Env×Gen	44.832	2.147e-11	164.275	2.2e-16	93.039	< 2e-16	103.076	< 2e-16	104.935	< 2e-16
ژنوتیپ Gen	0.131	0.7173	14.907	0.0001129	6.915	0.008547	8.605	0.003353	36.222	1.761e-09
محیط Env.	42.290	7.868e-11	32.620	1.121e-08	55.774	8.131e-14	46.856	7.64e-12	3.672	0.05532
ژنوتیپ× محیط Env×Gen	103.759	< 2.2e-16	137.109	< 2.2e-16	147.841	< 2.2e-16	129.631	< 2.2e-16	163.453	< 2.2e-16

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]

[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]

جدول ۴- برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درستنمایی محدود شده برای صفات مطالعه شده

Table 4. Eestimation of variance components by REML for Studied traits

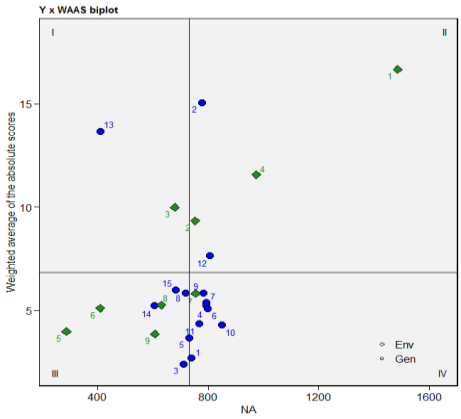
پارامترهای برآورد شده به‌روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده REML		اجزای واریانس برآوردها Variance components Estimates (%)				
		عملکرد دانه Seed yield	وزن صد دانه 100 seed weight	ارتفاع بوته Plant height	تعداد روز تا رسیدگی Days to maturity	تعداد روز تا گلدهی Days to flowering
Genotypic variance	واریانس ژنوتیپی (σ^2_g)	6993 (12.02)	0.3894 (33.66)	0.7783 (8.616)	0.5100 (7.878)	0.5409 (10.38)
variance of Genotype × Environment	واریانس ژنوتیپ در محیط (σ^2_{gei})	34142 (58.67)	0.5133 (44.38)	4.352 (48.17)	3.290 (50.81)	2.597 (49.83)
Variance of residual value	واریانس باقیمانده (σ^2_e)	17057 (29.31)	44.38 (21.96)	3.904 (43.21)	2.674 (41.31)	2.074 (39.80)
Phenotypic variance	واریانس فنوتیپی (σ^2_P)	58193	1.157	9.034	6.474	5.212
General heritability	وراثت‌پذیری عمومی (h^2)	0.1202	0.3366	0.08616	0.07878	0.1038
Detection coefficient of GEI effects	ضریب تشخیص اثرهای ژنوتیپ در محیط (R^2_{gei})	0.5867	0.4438	0.4817	0.5081	0.4983
Average genotypic heritability	میانگین وراثت‌پذیری ژنوتیپی (h^2_{mg})	0.6124	0.8542	0.5534	0.5233	0.5968
Genotype selection accuracy	دقت انتخاب ژنوتیپ (As)	0.7826	0.9242	0.7439	0.7234	0.7725
Correlation between genotypic values among environments	همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیطها (r_{ge})	0.6668	0.6690	0.5271	0.5516	0.5559
Genotypic coefficient of variation (CVg)	ضریب تغییرات ژنوتیپی (٪)	11.44	13.14	2.698	0.4404	0.5729
Residual coefficient of variation (CVr)	ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده (٪)	17.86	10.61	6.042	1.008	1.122
CVg/CVr ratio	نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده	0.6403	1.238	0.4465	0.4367	0.5106
Standard deviation	انحراف معیار	402.99	1.11	6.82	24.26	22.35
Standard error	خطای استاندارد	20.05	0.06	0.34	1.21	1.11
Genotypic variance	واریانس ژنوتیپی (σ^2_g)	0.02803 (15.45)	0.03582 (18.47)	0.2696 (11.58)	0.05512 (12.92)	38.93 (33.64)
variance of Genotype × Environment	واریانس ژنوتیپ در محیط (σ^2_{gei})	0.05671 (31.26)	0.09845 (50.76)	1.319 (56.69)	0.2260 (52.97)	51.29 (44.31)
Variance of residual value	واریانس باقیمانده (σ^2_e)	0.09669 (53.29)	0.05968 (30.77)	0.7383 (31.72)	0.1455 (34.11)	25.52 (22.05)
Phenotypic variance	واریانس فنوتیپی (σ^2_P)	0.1814	0.1940	2.327	0.4266	115.7
General heritability	وراثت پذیری عمومی (h^2)	0.1545	0.1847	0.1158	0.1292	0.3364
Detection coefficient of GEI effects	ضریب تشخیص اثرهای ژنوتیپ در محیط (R^2_{gei})	0.3126	0.5076	0.5669	0.5297	0.4431
Average genotypic heritability	میانگین وراثت پذیری ژنوتیپی (h^2_{mg})	0.8152	0.7315	0.6078	0.6438	0.8542
Genotype selection accuracy	دقت انتخاب ژنوتیپ (As)	0.9029	0.8552	0.7796	0.8024	0.9242
Correlation between genotypic values among environments	همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیطها (r_{ge})	0.3697	0.6226	0.6412	0.6083	0.6677
Genotypic coefficient of variation (CVg)	ضریب تغییرات ژنوتیپی (٪)	6.260	12.78	11.30	11.78	13.14
Residual coefficient of variation (CVr)	ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده (٪)	11.63	16.50	18.71	19.14	10.64
CVg/CVr ratio	نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده	0.5384	0.7747	0.6043	0.6155	1.235
Standard deviation	انحراف معیار	0.92	0.54	0.12	0.89	11.13
Standard error	خطای استاندارد	0.05	0.03	2.48	0.04	0.55

رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها با توجه به وزن‌دهی شاخص پایداری و متغیر وابسته (عملکرد دانه)

در ستون‌های مختلف شکل ۲، وزن‌های متفاوتی به متغیر وابسته و شاخص پایداری داده شده است، به‌طوری‌که در اولین ستون سمت چپ و بر اساس وزن‌دهی ۱۰۰ برای شاخص پایداری WAASB، ژنوتیپ‌های ۱، ۹، ۱۱ و ۳ (با توجه به رنگ و راهنمای نمودار) پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. در هر ستون از چپ به راست، بر وزن متغیر پاسخ به اندازه پنج درصد افزوده و از وزن شاخص پایداری (WAASB) به‌میزان پنج درصد کاسته شد، به‌طوری که در آخرین ستون سمت راست، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها فقط بر اساس عملکرد دانه بود. بر این اساس، ژنوتیپ‌های ۶، ۱۲، ۱۰ و ۷، عملکرد بیشتری در مقایسه با ژنوتیپ‌های دیگر داشتند. در این نمودار با توجه به وزن‌های مختلف بر پایه هر کدام از دو شاخص پایداری دانه، می‌توان ژنوتیپ‌های برتر را شناسایی کرد. بر اساس وزن ۵۰:۵۰ برای دو شاخص پایداری عملکرد و عملکرد دانه (WAASBY)، ژنوتیپ‌های ۱، ۹، ۶، ۱۰، ۱۱ و ۱۲ نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر برتر بودند. در سمت چپ این نمودار، ژنوتیپ‌ها بر پایه نمود عملکرد و پایداری به چهار خوشه تقسیم شدند، در خوشه اول، ژنوتیپ‌های ۱، ۹ و ۱۲ (سبز رنگ) دارای عملکرد پایین و پایدار بودند. ژنوتیپ‌های ۲، ۳، ۴ و ۷ در خوشه دوم (قرمز رنگ) پر محصول و ناپایدار، ژنوتیپ‌های ۵، ۸، ۱۳، ۱۴ و ۱۵ در خوشه سوم (آبی رنگ) کم محصول و ناپایدار بودند. در خوشه چهارم، ژنوتیپ‌های ۶، ۱۰ و ۱۲ (مشکی رنگ) پر محصول و پایدار بودند.

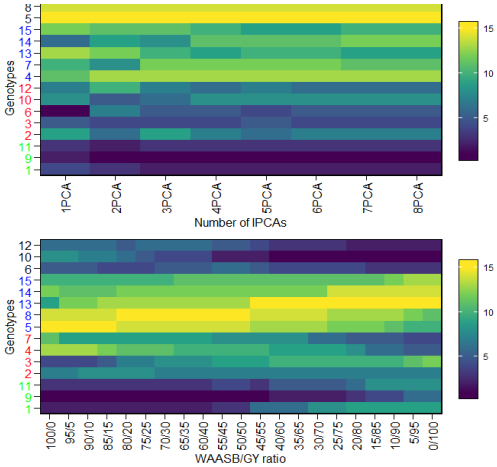
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]

[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]



شکل ۱- بای‌پلات عملکرد دانه در مقابل WAASB، دایره آبی در گوشه سمت راست، یک ژنوتیپ فرضی بسیار پر محصول و کاملاً پایدار و پیکان‌های افقی و عمودی آبی در گوشه سمت چپ، به ترتیب جهت افزایش عملکرد و پایداری را نشان می‌دهند

Figure 1. Biplot of the seed yield vs WAASB. Blue circle in the right corner and horizontal and vertical blue arrows in the left corner indicates a hypothetical highly productive and broadly adapted and the direction of the increase in yield and stability, respectively



شکل ۲- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های عدس بر اساس وزن‌دهی مختلف برای پایداری و عملکرد دانه

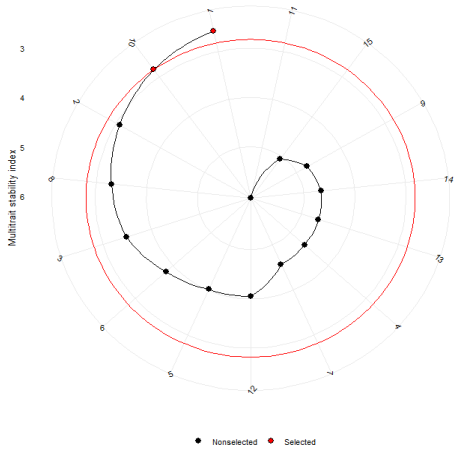
Figure 2. Lentil genotypes ranking based on different weights for stability and yielding

شاخص پایداری چند صفتی (MTSI) و انتخاب ژنوتیپ نزدیک به ایده‌آل

رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها در نمودارهای بالا فقط بر اساس عملکرد و پایداری عملکرد دانه انجام شده است، حال آن که در شکل ۳، و بر اساس شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)، ژنوتیپ‌های ۱ و ۱۰ به‌عنوان ژنوتیپ برگزیده از ژنوتیپ‌های دیگر جدا شدند. دایره قرمز، نقطه برش را نشان می‌دهد. در گزینش ژنوتیپ با شاخص MTSI، علاوه بر نمود هر صفت، به پایداری آن نیز توجه شده است، بنابراین، این شاخص یک فرآیند گزینش منحصر به فرد و آسان است (Olivoto *et al.*, 2019b).

بر اساس تجزیه پایداری ژنوتیپ‌ها با استفاده از میانگین هارمونیک و عملکرد نسبی ارزش ژنوتیپی بر اساس نتایج شاخص HMGV (جدول ۵)، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۹، ۴ و ۱۲ عملکرد بهتری نسبت به ارقام شاهد کیمیا، بیله‌سوار و توده محلی داشتند. حاصلضرب شاخص HMRPGV و میانگین کلی (HMRPGV*μ) برای این چهار ژنوتیپ به‌ترتیب ۸۳۳، ۷۸۹، ۷۷۷ و ۷۶۸ کیلوگرم در هکتار بود. با فرض انتخاب این چهار ژنوتیپ با رتبه‌بندی برتر برای عملکرد دانه، انتظار افزایش ۱۰/۴ درصدی نسبت به میانگین کل (۷۳۱ کیلوگرم در هکتار) وجود دارد. از آنجا که این شاخص، هم پایداری و هم سازگاری را بیان می‌کند، نشان‌دهنده ظرفیت پاسخ ژنوتیپی مثبت به بهبود شرایط محیطی و پایداری ژنوتیپ‌ها است. پایداری ژنوتیپ‌های ۱۰، ۹، ۴ و ۱۲ با مقادیر شاخص HMRPG برابر با ۱/۱۴، ۱/۰۸، ۱/۰۶ و ۱/۰۵ بود که به‌ترتیب افزایش ۱۶/۲، ۶/۹، ۸/۳ و ۱۰/۳ درصدی را نسبت به میانگین کلی عملکرد دانه نشان داد. اهمیت سازگاری در اصلاح نباتات، توجیه تلاش به‌نژادگر برای شناسایی رفتار مطلوب در رقم تازه معرفی شده است (Ceccarelli, 1989). روش HMRPGV مشابه روش لین و بینز (Lin and Binns, 1991) است، با این‌حال، برخلاف این روش که بر نتایج فنوتیپی استوار است، روش HMRPGV همزمان داده‌های عملکرد دانه، سازگاری و پایداری را در یک زمینه ژنوتیپی پردازش می‌کند (de Resende, 2007).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]
[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]



شکل ۳- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر پایه شاخص پایداری چندصفتی (MTSI)
Figure 3. Genotype ranking based on the multi-trait stability index (MTSI)

جدول ۵- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر پایه پارامترهای سازگاری ارزش‌های ژنوتیپی برای عملکرد دانه ژنوتیپ‌های عدس
Table 5. Lentil genotypes ranking based on the adaptability parameters of genotypic values for seed yield of lentil genotypes

HMRPGV_R	HMRPGV_Y	HMRPGV	RPGV_R	RPGV_Y	RPGV	HMGV orde	HMGV	Y	GE
8	734	1	8	746	1.02	8	608	739	G1
12	669	0.915	10	739	1.01	13	517	778	G2
9	711	0.972	11	727	0.994	10	600	711	G3
3	777	1.06	5	793	1.08	3	641	792	G4
11	694	0.949	12	715	0.978	12	552	731	G5
4	774	1.06	4	793	1.09	6	628	799	G6
5	772	1.06	6	780	1.07	5	632	792	G7
10	710	0.971	9	745	1.02	7	617	717	G8
2	789	1.08	3	808	1.11	2	666	782	G9
1	833	1.14	1	837	1.14	1	684	850	G10
7	738	1.01	7	753	1.03	9	607	768	G11
6	768	1.05	2	811	1.11	4	636	807	G12
15	376	0.514	15	441	0.603	15	297	410	G13
14	535	0.731	14	587	0.803	14	401	606	G14
13	664	0.908	13	693	0.947	11	557	683	G15

نتیجه‌گیری کلی

بر پایه بای‌پلات نوع سوم، ژنوتیپ‌های ۴، ۶، ۷، ۹ و ۱۰ دارای عملکرد دانه بیشتر از متوسط عملکرد ژنوتیپ‌ها و پایداری بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر بودند. رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر پایه وزن‌های متفاوت برای متغیر وابسته و شاخص پایداری (WAASB) نشان داد که ژنوتیپ‌های ۶، ۱۰ و ۱۲ پر محصول و سازگار بودند. شاخص گزینش چندصفتی (MTSI) بر پایه تجزیه عاملی، ژنوتیپ‌های ۱ و ۱۰ را به‌عنوان ژنوتیپ برتر گزینش نمود. بر پایه شاخص HMRPGV، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۹، ۴ و ۱۲ علاوه بر عملکرد بالا، از پایداری و سازگاری بالایی نیز برخوردار بودند. در مجموع و بر اساس تمام تجزیه‌ها، ژنوتیپ ۱، ۱۰، ۶ و ۱۲ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند که علاوه بر عملکرد دانه، از نظر سایر صفات اندازه‌گیری شده نیز بر ژنوتیپ‌های دیگر برتری داشت و می‌تواند نامزد معرفی به‌عنوان ارقام جدید باشند.

تشکر و قدردانی

این تحقیق منتج از پروژه مصوب مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم به‌شماره ۰-۱۵-۱۵-۰۳۷-۹۸۰۹۹۸ می‌باشد که بدین‌وسیله سپاسگزاری می‌شود.

References

Abo-Hegazy, S. R. E., Selim, T., & Ashrie, A. A. M. (2013). Genotype × environment interaction and stability analysis for yield and its components in lentil. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 5(5), 85-90. https://doi.org/10.5897/JPBCS12.066

Akinci, C., Bicer, B. T., Kizilgeci, F., Albayrak, Ö., & Yildirim, M. (2018). Stability parameters in lentil genotypes. El-Cezerî Journal of Science and Engineering, 5(2), 287-291. https://doi.org/10.31202/ecjse.403995

Barrios, A., Aparicio, T., Rodríguez, M. J., de la Vega, M. P., & Caminero, C. (2016). Winter sowing of adapted lines as a potential yield increase strategy in lentil (Lens culinaris Medik.). *Spanish Journal of Agricultural Research*, 14(2), e0702. https://doi.org/10.5424/sjar/2016142-8092

Bhattacharya, S., Das, A., Banerjee, J., Mandal, S. N., Kumar, S., & Gupta, S. (2022). Elucidating genetic variability and genotype× environment interactions for grain iron and zinc content among diverse genotypes of lentils (Lens culinaris). *Plant Breeding*, 141(6), 786-800. https://hdl.handle.net/20.500.11766/68227

Ceccarelli, S. (1989). Wide adaptation: How wide? *Euphytica*, 40, 197-205. https://doi.org/10.1007/BF00024512

Dehghani, H., Sabaghpour, S. H., & Sabaghnia, N. (2008). Genotype x environment interaction for grain yield of some lentil genotypes and relationship among univariate stability statistics. *Spanish Journal of Agricultural Research*, (3), 385-394. https://doi.org/10.5424/sjar/2008063-5292

Coan, M. M. D., Marchioro, V. S., Franco, F. D. A., Pinto, R. J. B., Scapim, C. A., & Baldissera, J. N. C. (2018). Determination of genotypic stability and adaptability in wheat genotypes using mixed statistical models. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 20(7), 1525-1540.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]
[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]

Fernandez, G. C. (1991). Analysis of genotype× environment interaction by stability estimates. HortScience, 26(8), 947-950.

Ghaffar, M., Asghar, M. J., Shahid, M., & Hussain, J. (2023). Estimation of G× E Interaction of Lentil Genotypes for yield using AMMI and GGE Biplot in Pakistan. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 23, 2316-2330. https://doi.org/10.1007/s42729-023-01182-x

Holland, J. B. (2006). Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. *Crop Science*, 46(2), 642-654. https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0191

Jahufer, M. Z. Z., & Casler, M. D. (2015). Application of the Smith-Hazel selection index for improving biomass yield and quality of switchgrass. *Crop Science*, 55(3), 1212-1222. https://doi.org/10.2135/cropsci2014.08.0575

Jeberson, M. S., Shashidhar, K. S., Wani, S. H., Singh, A. K., & Dar, S. A. (2019). Identification of stable lentil (Lens culinaris Medik) genotypes through GGE biplot and AMMI analysis for North Hill Zone of India. *Legume Research-An International Journal*, 42(4), 467-472. https://doi.org/10.18805/LR-3901

Karimizadeh, R., Mohammadi, M., & Sabaghmia, N. (2013). Site regression biplot analysis for matching new improved lentil genotypes into target environments. *Journal of Plant Physiology and Breeding*, 3(2), 51-65.

Kochaki, A., & Banayan aval, M. (1993). Pulse crops. Mashhad University of jihad Press. 236 pp.

Lin, C. S., & Binns, M. R. (1991). Genetic properties of four types of stability parameter. Theoretical and Applied Genetics, 82, 505-509. https://doi.org/10.1007/BF00588606

Namdari, A., Pezeshkpour, P., Mehraban, A., Naseri, A., Vaezi, B., & Nazarli, H. (2022). Evaluation the grain yield stability of promising rainfed lentil genotypes using parametric and non-parametric statistics. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(3), 153-167 (In Persian).

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

Olivoto, T., Lúcio, A. D., da Silva, J. A., Sari, B. G., & Diel, M. I. (2019b). Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961-2969. https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221

Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, 37(10), 1383-1389.https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981

Pezeshkpour, P., & Karimizadeh, R. (2023). Evaluation of the mean performance and stability of chickpea genotypes by integration AMMI and BLUP models and selection based on Multi-Trait Stability Index (MTSI). *Journal of Crop Breeding*, 15(46), 73-83 (In Persian).

Pour-Aboughadareh, A., Ghazvini, H., Barati, A., Koohkan, S., & Arazmjoo, E. (2023). Selection of promising genotypes of barley using the best linear unbiased predictor model (BLUP). *Journal of Crop Breeding*, 15(46), 1-10 (In Persian).

de Resende, M. D. V. (2007). Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

Rocha, J. R. D. A. S. D. C., Machado, J. C., & Carneiro, P. C. S. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. GCB Bioenergy, 10(1), 52-60. https://doi.org/10.1111/gcbb.12443

Sabaghpour, S. H., Safikhni, M., Sarker, A., Ghaffri, A., & Ketata, H. (2004, June). Present status and future prospects of lentil cultivation in Iran. In Proc 5th European Conference on Grain Legumes (pp. 7-11).

Sabaghnia, N., Dehghani, H., & Sabaghpour, S. H. (2006). Nonparametric methods for interpreting genotype× environment interaction of lentil genotypes. *Crop Science*, 46(3), 1100-1106. https://doi.org/10.2135/cropsci2005.06-0122

Sellami, M. H., Pulvento, C., Aria, M., Stellacci, A. M., & Lavini, A. (2019). A systematic review of field trials to synthesize existing knowledge and agronomic practices on protein crops in Europe. *Agronomy*, 9(6), 292. https://doi.org/10.3390/agronomy9060292

Sellami, M. H., Pulvento, C., & Lavini, A. (2021). Selection of suitable genotypes of lentil (*Lens culinaris* Medik.) under rainfed conditions in south Italy using multi-trait stability index (MTSI). *Agronomy*, 11(9), 1807. https://doi.org/10.3390/agronomy11091807

Sharifi, P. 2020. Application of Multivariate Analysis Methods in Agriculural Sciences. Rasht Branch, Islamic Azad University Press, IR., 288 pp (In Persian).

Sharifi, P., Sheikh, F., Miri, K., Sekhavat, R., & Asteraki, H. (2022). Evaluation of seed yield stability of faba bean genotypes by linear mixed-effects models (LMM). *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(2), 97-107 (In Persian).

Yadav, N. K., Ghimire, S. K., Sah, B. P., Sarker, A., Shrestha, S. M., & Sah, S. K. (2016). Genotype x environment interaction and stability analysis in lentil (*Lens culinaris* Medik.). International Journal of Environment, Agriculture and Biotechnology, 1(3), 238539.

Yan, W., & Kang, M. S. (2002). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press.

Zaccardelli, M., Sonnante, G., Lupo, F., Branca, F., & de Falco, E. (2010). Leguminose Minori (Cece, Lenticchia, Cicerchia, Fava); Consiglio per Ricerca Sperimentazione Agricoltura: Rome, Italy, 73 pp ISBN 978-88-97081-00-5.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-02-13]

[DOI: 10.61186/jcb.16.2.42]