

Research Paper

Analysis of the Genotype \times Environment Interaction Effect for Grain Yield in Red Bean Genotypes Using AMMI and GGE Biplot Methods

Behrouz Asadi¹, Seyedeh Soudabeh Shobeiri² , Ali Akbar Asadi³, Hossein Astaraki⁴ and Foroud Salehi⁵

- 1- Researcher of Seed and Plant Improvement Institute, Arak Agriculture and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Arak, Iran
- 2- Assistant Professor, Dryland Agricultural Research Institute, Zanjan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Zanjan, Iran,
(Corresponding author: s.shobeiri@yahoo.com)
- 3- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Zanjan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Zanjan, Iran
- 4- Researcher of Seed and Plant Improvement Institute, Lorestan Agriculture and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Lorestan, Iran
- 5- Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Chaharmahal and Bakhtiari Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Chaharmahal and Bakhtiari, Iran

Received: 24 June, 2023

Accepted: 18 November, 2023

Extended Abstract

Background: The evaluation of the genotype \times environment interaction effect provides valuable information regarding the yield of plant cultivars in different environments and plays an important role in evaluating the yield stability of breeding cultivars. The genotype \times environment interaction effect, especially in stressful environments, is an important limiting factor in the introduction of new cultivars. Therefore, it is crucial to know the type and nature of the interaction effect and achieve the varieties that have the least role in creating interaction effects. Various methods have been introduced to evaluate the interaction effect, each of which examines the nature of the interaction effect from a specific point of view. The results of different methods may not be the same, but the best result is obtained when a genotype with different evaluation methods shows similar results in terms of stability. This research aimed to evaluate the genotype \times environment interaction effect in experiments conducted in different environments to determine the relationships between genotypes and environments and to introduce the most stable red bean genotypes.

Methods: In this research, 14 red bean lines along with Yakut, Ofog, and Dadfar control cultivars were cultivated in a randomized complete block design with three replications in Khomein, Borujerd, Shahrekord, and Zanjan research stations for two crop years under the same conditions. After the combined analysis of variance (ANOVA), AMMI and GGE-Biplot analysis methods were used to determine the compatibility and stability of genotypes according to the significance of the genotype \times environment interaction. After AMMI Analysis, the stability parameters of AMMI were calculated. In addition to the AMMI stability parameters, the simultaneous selection index was also calculated for each of the indices, which was the sum of the rank of the genotypes based on each of the AMMI stability indices and the average seed yield rank of the genotypes in all environments.

Results: The significance of the double and triple interaction effects of the genotype with year and place (environment) in this study showed that genotypes responded differently in different environments. In other words, the difference between genotypes is not the same from one environment to another, and the stability of grain yield can be evaluated in these conditions. Compared to the effect of the genotype, the contribution of about 2.5 times the interaction effect of genotype \times environment from the total sum of squares indicates the possible existence of mega-environmental groups in which some genotypes show their maximum performance potential in those environmental groups. Among the genotypes, G12, G5, and G17 produced the highest seed yields of 3288, 3136, and 3111 kg/ha, respectively. AMMI analysis showed that the first to seventh main components were significant at the 1% probability level, and despite the significance of all model components, the first and second main components had the largest contribution to the expression of the genotype \times environment interaction (66.5%). Based on the AMMI1 biplot, G4, G5, G16, G17, and G12 had the highest values (positive and negative) of IPCA1. In contrast, G8, G3, G2, G7, and G11 had IPCA1 values close to zero. However, only G11 showed a yield higher than the average total yield, therefore it can be introduced as a stable genotype with high general compatibility. Based on the AMMI2 biplot, G2, G7, G3, and, to some



extent, G8 and G13 were introduced as stable genotypes, but only G13 produced a higher yield in all environments, thus this genotype can be introduced as a stable genotype with good yield. Moreover, the two years had a high correlation with each other in the studied site, and Bro1 and Bro2 environments, Kho1 and Kho2 environments, and Zan1 and Zan2 showed a high positive correlation (the same effect) to create an interaction effect. Based on the simultaneous selection indices calculated with AMMI analysis, G11, G17, G7, G13, and G12 were introduced as stable genotypes with high yields. GGE-Biplot analysis based on average yield and stability showed that G1, G2, G3, G8, and G7 had the highest general stability compared to the other genotypes, despite having the lowest yields. On the other hand, G12, G5, and G17 genotypes produced the highest yields with less stability. No ideal environment was observed, but Kho1, Kho2, and Sha1 environments were closer to the ideal environment than the other environments, hence they can be used to distinguish the studied genotypes to some extent. On the other hand, G12 can be considered a desirable genotype with a high average yield and high yield stability. In the same way, G17, G5, and G11 were in the next stage compared to the ideal genotype and, to some extent, they can also be considered desirable genotypes.

Conclusion: According to the results, G12 can be considered a desirable genotype with a high average yield and yield stability, and G17, G5, and G11 genotypes are in the next stage.

Keywords: Beans, Interaction effect, Simultaneous selection, Stability parameter

How to Cite This Article: Asadi, B., Shobeiri, S. S., Asadi, A. A., Astaraki, H., & Salehi, F. (2024). Analysis of the Genotype \times Environment Interaction Effect for Grain Yield in Red Bean Genotypes Using AMMI and GGE Biplot Methods. *J Crop Breed*, 16(1), 86-102. DOI: [10.61186/jcb.16.49.86](https://doi.org/10.61186/jcb.16.49.86)

مقاله پژوهشی

بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز
با استفاده از روش‌های AMMI و GGE Biplotبهروز اسدی^۱، سیده سودابه شبیری^۲، علی‌اکبر اسدی^۳، حسین آسترکی^۴ و فرود صالحی^۵^۱ - پژوهشگر، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مرکزی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اراک، ایران^۲ - استادیار پژوهش موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی زنجان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زنجان، ایران، (نویسنده مسؤل: s.shobeiri@yahoo.com)^۳ - استادیار پژوهش موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی زنجان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زنجان، ایران^۴ - پژوهشگر، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، لرستان، ایران^۵ - استادیار پژوهش موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی چهارمحال و بختیاری، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، چهارمحال و بختیاری، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۴/۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۸/۲۷

صفحه: ۸۶ تا ۱۰۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط اطلاعات ارزشمندی در رابطه با عملکرد ارقام گیاهی در محیط‌های مختلف فراهم کرده و نقش مهمی در بررسی پایداری عملکرد ارقام اصلاح شده دارد. اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط به‌ویژه در محیط‌های تنش‌دار از عوامل مهم محدودکننده در معرفی ارقام جدید محسوب می‌شود. لذا شناخت نوع و ماهیت اثر متقابل و دستیابی به ارقامی که کمترین واکنش را نسبت به اثرات متقابل نشان دهند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. روش‌های مختلفی برای ارزیابی اثرات متقابل معرفی شده است که هریک ماهیت اثر متقابل را از دیدگاه مشخصی بررسی می‌کند. نتایج روش‌های مختلف ممکن است با هم یکسان نباشند، اما بهترین نتیجه زمانی حاصل می‌شود که یک ژنوتیپ با روش‌های مختلف ارزیابی، نتیجه مشابهی از نظر پایداری نشان دهد. هدف از انجام این پژوهش، ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در آزمایش‌های انجام گرفته در محیط‌های مختلف جهت تعیین روابط بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و معرفی پایدارترین ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز بود.

مواد و روش‌ها: در این تحقیق ۱۴ لاین لوبیا قرمز به‌همراه ارقام شاهد یاقوت، افق و دادفر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در ایستگاه‌های تحقیقاتی خمین، بروجرد، شهرکرد و زنجان به‌مدت ۲ سال زراعی در شرایط یکسان کشت شدند. پس از تجزیه واریانس مرکب با توجه به معنی‌دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، برای تعیین سازگاری و پایداری ژنوتیپ‌ها از روش‌های تجزیه AMMI و GGE-Biplot انجام شد. پس از تجزیه AMMI، پارامترهای پایداری AMMI نیز محاسبه شد. علاوه بر پارامترهای پایداری AMMI، شاخص گزینش هم‌زمان نیز برای هریک از شاخص‌ها محاسبه شد که حاصل جمع رتبه ژنوتیپ‌ها بر پایه هریک از شاخص‌های پایداری AMMI و رتبه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در تمام محیط‌ها بود.

یافته‌ها: معنی‌دار شدن اثرات متقابل دوگانه و سه‌گانه ژنوتیپ با سال و مکان (محیط) در این مطالعه نشان داد که ژنوتیپ‌ها در محیط‌های متفاوت پاسخ‌های متفاوتی نشان داده و به‌عبارت‌دیگر اختلاف بین ژنوتیپ‌ها از محیطی به محیطی دیگر یکسان نیست و در این شرایط پایداری عملکرد دانه می‌تواند مورد ارزیابی قرار گیرد. سهم حدود ۲/۵ برابری اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از مجموع مربعات کل، در مقایسه با اثر ژنوتیپ، بیانگر احتمال وجود گروه‌های کلان محیطی بود که برخی ژنوتیپ‌ها حداکثر پتانسیل عملکرد خود را در آن گروه‌های محیطی نشان می‌دهند. ژنوتیپ‌های G12، G5 و G17 به‌ترتیب با داشتن عملکردهای ۳۲۸۸، ۳۱۳۶ و ۳۱۱۱ کیلوگرم در هکتار بیشترین مقدار عملکرد دانه را در بین ژنوتیپ‌ها دارا بودند. تجزیه AMMI نشان داد که مؤلفه اصلی اول تا هفتم در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار شدند و علی‌رغم معنی‌دار شدن تمامی مؤلفه‌های مدل، اولین و دومین مؤلفه اصلی، بیشترین سهم را در بیان اثر متقابل ژنوتیپ × محیط داشتند (۶۶/۵ درصد). بر پایه نمودار AMMI ژنوتیپ‌های G4، G5، G16، G17 و G12 دارای بیشترین مقادیر (مثبت و منفی) IPCA1 بودند. در مقابل ژنوتیپ‌های G2، G3، G8، G7 و G11 دارای مقادیر IPCA1 نزدیک به صفر بودند. با این‌حال تنها ژنوتیپ G11 عملکردی بالاتر از میانگین عملکرد کل نشان داد و به‌همین دلیل می‌تواند به‌عنوان ژنوتیپ پایدار با سازگاری عمومی بالا معرفی شود. بر پایه نمودار بای‌پلات AMMI2، ژنوتیپ‌های G2، G3، G7 و G8 به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شدند ولی تنها ژنوتیپ G13 در تمامی محیط‌ها دارای مقدار عملکرد بیشتری بود، بنابراین این ژنوتیپ را می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد مناسب معرفی کرد. همچنین هر دو سال یک مکان مورد بررسی دارای همبستگی زیادی با هم بودند به‌طوری‌که محیط‌های Bro1 و Bro2 از یک‌طرف و محیط‌های Kho1 و Kho2 و در نهایت Zan1 و Zan2 از طرف دیگر با هم دارای همبستگی مثبت بالا (اثر یکسان) جهت ایجاد اثر متقابل نشان دادند. در مجموع شاخص‌های انتخاب هم‌زمان محاسبه شده بر پایه تجزیه AMMI، ژنوتیپ‌های G11، G17، G7، G13 و G12 به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا معرفی شدند. تجزیه GGE-Biplot بر اساس میانگین عملکرد و پایداری نشان داد که ژنوتیپ‌های G1، G2، G3، G8 و G7 دارای بیشترین پایداری عمومی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها علی‌رغم داشتن کمترین عملکرد بودند. در مقابل ژنوتیپ‌های G12، G5 و G17 دارای بیشترین عملکرد با پایداری کمتر قرار داشتند. هیچ محیط ایده‌آلی مشاهده نشد. ولی محیط‌های Kho1، Kho2، Sha1 نسبت به محیط‌های دیگر به محیط ایده‌آل نزدیک‌تر بوده و می‌توانند تا حدودی جهت تمایز ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از آن‌ها استفاده کرد. از طرف دیگر، ژنوتیپ G12 را می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ مطلوب که دارای میانگین عملکرد بالا و نیز پایداری عملکرد بالایی باشد، در نظر گرفت. به‌همین ترتیب ژنوتیپ‌های G17، G5 و G11 در مرحله بعد نسبت به ژنوتیپ ایده‌آل قرار داشتند و تا حدودی می‌توان آن‌ها را نیز به‌عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب در نظر گرفت.

نتیجه‌گیری: با توجه به تمامی نتایج می‌توان ژنوتیپ G12 را به‌عنوان ژنوتیپ مطلوب که دارای میانگین عملکرد بالا و نیز دارای پایداری عملکرد باشد، در نظر گرفت و در مرحله بعد ژنوتیپ‌های G17، G5 و G11 قرار داشتند.

واژه‌های کلیدی: انتخاب هم‌زمان، اثر متقابل، پارامتر پایداری، لوبیا

مقدمه

تن و متوسط عملکرد ۷۹۱ کیلوگرم در هکتار می‌باشد (FAO, 2020). سطح زیر کشت لوبیا در ایران در حدود ۹۰ هزار هکتار با تولید ۲۰۷ هزار تن و متوسط عملکرد ۲/۳ تن در هکتار می‌باشد (Ahmadi et al., 2020). دانه لوبیا دارای ۲۰ تا ۲۵

لوبیا یکی از مهمترین گیاهان زراعی است که به‌لحاظ میزان پروتئین بالا و استفاده در رژیم غذایی حائز اهمیت است (Broughton et al., 2003). لوبیا در جهان دارای سطح زیر کشت حدود ۳۴/۸ میلیون هکتار با میزان تولید ۲۷/۵ میلیون

AMMI برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر استفاده کرده و بیان داشتند که این پارامترها در انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار از کارائی لازم برخوردار هستند. پورچیس و همکاران (Purchase et al., 2000) پارامتر ارزش پایداری AMMI یا ASV^2 را ارائه نمودند که بر اساس نمرات IPCA1 و IPCA2 مدل AMMI برای هر ژنوتیپ محاسبه می‌شود. براتی و همکاران (Barati et al., 2019) نیز برای بررسی اثرات متقابل ژنوتیپ \times محیط بر عملکرد جو تحت تنش شوری، از آماره ASV و فاصله AMMI استفاده کرده و لاین‌های پایدار جو را در شرایط تنش معرفی کردند. دانیالی و همکاران (Danyali et al., 2012) با ارزیابی ۱۷ ژنوتیپ نخود در ۱۶ محیط نشان دادند که دو مؤلفه اصلی اول و دوم به ترتیب ۴۹/۴۷ و ۲۵/۲۵ درصد از اثر متقابل ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کردند و با توجه به معنی‌دار بودن پنج مؤلفه اصلی اول از شاخص‌های $SIPC^3$ ، $SIPCV$ و ASV برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های نخود بهره گرفتند. پور اسماعیل (Pouresmael et al., 2018) با ارزیابی ۱۵ ژنوتیپ نخود در ۱۲ محیط، اثر معنی‌دار پنج مؤلفه اصلی اول را در اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط نشان دادند و با پارامترهای ASV ، SUI^4 و GSI^5 ژنوتیپ‌های پایدار را شناسایی کردند. زالی و همکاران (Zali et al., 2012) با ارزیابی ۱۷ ژنوتیپ نخود در ۱۰ محیط نشان دادند که چهار مؤلفه اصلی اول با اثر معنی‌دار، حدود ۹۴ درصد از اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط را توجیه می‌کردند. این محققین از شاخص‌های $SIPC$ ، EV ، $MASV$ ، DZ ، $AVAMGE$ ، FA ، ASV ، Da و Za برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده کردند.

روش GGE Biplot از روش‌هایی است که برای ارزیابی و تجزیه گرافیکی اطلاعات مربوط به آزمایش‌های چند محیطی از طریق ایجاد یک بای پلات توسعه یافته است (Yan and Tinker, 2006). این روش در گیاهان زراعی مختلف توسط پژوهشگران متعددی برای تجزیه اطلاعات حاصل از آزمایش‌های ناحیه‌ای، مفید و کاربردی تشخیص داده شده است (Jamshidi Moghadam and Pourdad, 2018; Farshadfar et al., 2012; Mortazavian et al., 2014). این روش بر مبنای رسم دو مؤلفه اصلی اول ($PC1$ و $PC2$) حاصل از تجزیه مقادیر منفرد داده‌ها با مرکزیت محیط استوار است. مدل GGE با استفاده از GGE Biplot محیط‌های مورد بررسی به چندین گروه محیطی یا چند ناحیه بزرگ (Mega-Environments) که در درون هر گروه محیط‌ها از نظر واکنش به ژنوتیپ‌ها تا حدودی مشابه عمل می‌کنند گروه‌بندی می‌شوند (Kaya et al., 2006; Mohammadi et al., 2010). محیط بزرگ به گروهی از محیط‌ها گفته می‌شود که ژنوتیپ‌ها یا ارقام مورد بررسی در آن محیط بهترین عملکرد یا بالاترین واکنش محیطی را دارند (Yan and Tinker, 2006). در همین راستا در بررسی‌های بعدی می‌توان با توجه به این محیط‌های بزرگ و با کاستن از تعداد محیط‌های مشابه، به تعیین ژنوتیپ‌های برتر (پایدار و پر محصول) در محصولات مورد بررسی اقدام نمود (Javidfar et al., 2011). گروه‌بندی محیط‌ها در مطالعات مختلف برای محصولات زراعی مانند عدس (Sabaghnia et al., 2008)، سویا (Yan and

درصد پروتئین و ۵۵ تا ۶۰ درصد کربوهیدرات می‌باشد (Banayanaval and Koochaki, 2008).

ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط اطلاعات ارزشمندی در رابطه با عملکرد ارقام گیاهی در محیط‌های مختلف مورد بررسی فراهم کرده و نقش مهمی در بررسی پایداری عملکرد ارقام اصلاح شده دارد. ژنوتیپ پایدار ژنوتیپی است که در محیط‌های مختلف عکس‌العمل‌های مشابهی را نشان دهد (Karadavut et al., 2010)؛ ولی وقتی عملکرد ژنوتیپ تحت تاثیر محیط قرار می‌گیرد و در محیط‌های مختلف تفاوت عملکرد وجود دارد نشان‌دهنده وجود اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط است (Scapim et al., 2000). همبستگی ارزش ژنوتیپی و فنوتیپی به دلیل وجود اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط کاهش می‌یابد بنابراین ممکن است ژنوتیپ‌های موفق از نظر صفت مورد بررسی در یک محیط، در محیط‌های دیگر تظاهر ضعیفی داشته باشد (Becker and Leon, 1988). همچنین این اثر یکی از عوامل کند شدن روند اصلاحی و معرفی ارقام در مناطق مختلف می‌باشد (Kang, 1998).

از آنجایی که تجزیه واریانس مرکب فقط اطلاعاتی در مورد اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط فراهم می‌کند، بنابراین محققان روش‌های گوناگونی را برای تجزیه پایداری پیشنهاد داده‌اند. اثرات متقابل ژنوتیپ \times محیط به‌ویژه در محیط‌های تنش‌دار از عوامل مهم محدودکننده در معرفی ارقام جدید محسوب می‌شود. لذا شناخت نوع و ماهیت اثر متقابل و دستیابی به ارقامی که کمترین واکنش را نسبت به اثرات متقابل نشان دهند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. روش‌های مختلفی برای ارزیابی اثرات متقابل معرفی شده است که هر یک ماهیت اثر متقابل را از دیدگاه مشخصی بررسی می‌کند. نتایج روش‌های مختلف ممکن است با هم یکسان نباشند، اما بهترین نتیجه زمانی حاصل می‌شود که یک ژنوتیپ با روش‌های مختلف ارزیابی، نتیجه مشابهی از نظر پایداری نشان دهد (Dorri et al., 2014). از جمله این روش‌ها می‌توان به روش چند متغیره AMMI^۱ یا روش اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر و روش گرافیکی GGE Biplot اشاره کرد (Gauch and Zobel, 1996). روش تجزیه AMMI توسط محققین مختلفی مورد استفاده قرار گرفته و مشخص شده است که این روش می‌تواند برای تعیین ژنوتیپ‌های دارای سازگاری عمومی و خصوصی برای مکان‌های مختلف مورد استفاده قرار گیرد (Esmailzadeh Elakhdar et al., 2017; Moghaddam, 2011; Mohammadi and Amri, 2013). فیلیپو و همکاران (Philipo et al., 2021) با ارزیابی ۹۹ ژنوتیپ مختلف لوبیا در ۳ منطقه مشاهده کردند که اثر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط بسیار معنی‌دار بود. در این مطالعه تجزیه و تحلیل AMMI نشان داد که اثر اصلی ژنوتیپ ۳۹/۳، اثر اصلی محیط ۲۶/۸ درصد و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط ۳۱/۴ درصد از مجموع مربعات کل را به خود اختصاص داد. استفاده از پارامترهای پایداری AMMI در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر کمک شایانی کرده و باعث تسهیل این امر می‌شوند. در گندم دوروم، محمدی و امری (Mohammadi and Amri, 2013) از پارامترهای پایداری

و دادفر جمعاً ۱۷ ژنوتیپ (جدول ۱) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در چهار منطقه کشور در ایستگاه‌های تحقیقاتی خمین، بروجرد، شهرکرد و زنجان به مدت ۲ سال زراعی (۱۳۹۸-۱۳۹۹) مورد بررسی قرار گرفت. تاریخ کاشت در ایستگاه‌های مورد بررسی در خردادماه بود. عملیات آماده‌سازی زمین شامل شخم عمیق پاییزه، شخم سطحی بهاره، دیسک و لولر در هر چهار ایستگاه به‌طور یکسان انجام شد. عناصر غذایی ماکرو و میکرو بر اساس آزمون خاک هر ایستگاه به زمین داده شد. از علف‌کش پیش‌کاشت تریفلورالین به میزان ۱/۵ لیتر در هکتار جهت کنترل علف‌های هرز استفاده گردید. کشت به‌صورت ردیفی (جوی و پشته) با فاصله ردیف ۵۰ سانتی‌متر از یکدیگر بر اساس نقشه آزمایشی انجام شد. فواصل بوته‌ها در روی ردیف پنج تا هفت سانتی‌متر در نظر گرفته شد. بذور هر یک از ژنوتیپ‌ها بر روی ۴ خط به طول ۵ متر کشت شد. عملیات داشت در تمامی ایستگاه‌ها بنا بر شرایط منطقه و تقریباً به‌صورت یکسان انجام شد. در زمان برداشت تمامی بوته‌های هر پلات به‌صورت جداگانه برداشت و عملکرد هر پلات پس از خرم‌کوبی توزین شدند. پس از جمع‌آوری داده‌های مربوطه تجزیه مرکب و مقایسات میانگین انجام شد.

(Rajcan, 2002) و نخود (Farayedi *et al.*, 2020) انجام گرفته است. در خصوص بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در حبوبات مخصوصاً نخود دیم کشور تحقیقات نسبتاً زیادی صورت گرفته است (Farshadfar *et al.*, 2012; Kanouni *et al.*, 2007; Zali *et al.*, 2007). مکیب (Mekbib, 2004) پس از انجام تجزیه پایداری با مقایسه روش‌های مختلف پایداری برای انتخاب ارقام پایدار و پرمحصول لوبیای معمولی نتیجه‌گیری کرد که معیارهای واریانس درون مکانی، اکی‌والانس ریک و واریانس پایداری، موجب انتخاب ارقام پایدار و پرمحصول می‌شوند. روش اکی‌والانس و واریانس پایداری را به‌خاطر انتخاب ارقام پایدار پرمحصول در لوبیا و سایر حبوبات می‌توان به‌عنوان معیار مناسب پایداری توصیه نمود. هدف از انجام این پژوهش، ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در آزمایش‌های چند محیطی، برای تعیین روابط بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و معرفی پایدارترین ژنوتیپ لوبیا قرمز از طریق روش‌های تجزیه پایداری AMMI و GGE Biplot بود.

مواد و روش‌ها

به‌منظور مقایسه عملکرد و بررسی سازگاری لاین‌های لوبیا قرمز، تعداد ۱۴ لاین لوبیا قرمز به‌همراه ارقام شاهد یاقوت، افق

جدول ۱- ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز مورد مطالعه در مناطق مختلف مورد بررسی

Genotype	Code	Genotype	Code
ژنوتیپ	کد	ژنوتیپ	کد
Ofogh	G10	KS31361	G1
KS31148	G11	KS31360	G2
KS31253	G12	KS31362	G3
KS31264	G13	KS31359	G4
KS31340	G14	Yaghot	G5
KS31363	G15	KS31358	G6
KS31339	G16	KS31336	G7
Dadfar	G17	KS31338	G8
		KS31353	G9

درجه آزادی مؤلفه‌های اصلی اثر متقابل (IPCA) با استفاده از فرمول $(g-1)+(e-1)-(2k-1)$ محاسبه می‌شود که در آن g نشان‌دهنده تعداد ژنوتیپ، e نشان‌دهنده تعداد محیط و k نشان‌دهنده شماره مؤلفه اصلی اثر متقابل است. در روش AMMI چندین مدل برای پیش‌بینی داده‌ها برازش شده است. مدل جمع‌پذیر (AMMI0) اثرات اصلی جمع‌پذیر یا افزایشی را تخمین می‌زند (یعنی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها) و هیچ‌یک از محورهای مؤلفه‌های اصلی در پیش‌بینی داده‌ها مورد استفاده قرار نمی‌گیرند. AMMI ترکیبی از اثرات اصلی جمع‌پذیر یا افزایشی از مدل AMMI0 و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط تخمین زده شده از اولین محور مؤلفه اصلی (IPCA1) است (در این مدل یک مؤلفه اصلی اثر متقابل در مدل نگه‌داشته می‌شود و بقیه به‌عنوان باقیمانده یا نویز در نظر گرفته می‌شوند). AMMI2 نشان‌دهنده مدلی است که محورهای مؤلفه‌های اصلی اول و دوم را شامل می‌شود (Gauche, 1992).

پس انجام تجزیه AMMI، پارامترهای تجزیه AMMI شامل آماره پایداری AMMI(ASV)، شاخص میانگین وزنی نمرات مطلق (WAAS)، مجموع نمره‌های محورهای مؤلفه (SIPC)، مقدار ویژه پارامتر پایداری AMMI (EV)، قدرمطلق سهم نسبی IPC در اثر متقابل (ZA)، پارامتر پایداری مبتنی بر AMMI (ASTB)، شاخص پایداری AMMI (ASI)، مقیاس

با توجه به معنی‌دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، برای تعیین سازگاری و پایداری ژنوتیپ‌ها از روش‌های تجزیه AMMI و GGE Biplot استفاده شد. روش AMMI در واقع ترکیبی از مدل تجزیه واریانس ANOVA و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی PCA است و مدل آن به‌صورت زیر می‌باشد (Gauche, 1992).

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum \lambda_n \gamma_{in} \delta_{jn} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

در این فرمول Y_{ger} عملکرد ژنوتیپ i ام در محیط j ام است، μ میانگین کل آزمایش، g_i و e_j به‌ترتیب اثرات اصلی ژنوتیپ و محیط، λ_n مقدار منفرد برای محور مؤلفه اصلی n ام، γ_{in} بردار ویژه ژنوتیپ برای محور n ام، δ_{jn} بردار ویژه محیط برای محور n ام و ρ_{ij} مقدار باقیمانده یا نویز ε_{ij} و $Noise$ عبارت مربوط به خطاست. بخش اول مدل $(\mu + g_i + e_j)$ یعنی بخش جمع‌پذیر از تجزیه واریانس معمولی استفاده می‌کند (Gauche, 1992). مفهوم کلاسیک $(G \times E)_{ij}$ به‌طور معمول نشان‌دهنده اثر متقابل ژنوتیپ i ام با محیط j ام است که در محیط i امی به‌صورت $(\sum \lambda_n \gamma_{in} \delta_{jn} + \rho_{ij})$ نوشته می‌شود. بخش $(\sum \lambda_n \gamma_{in} \delta_{jn})$ قسمت ضرب‌پذیر مدل AMMI است که از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به‌منظور تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط به یک تا N مؤلفه اصلی استفاده می‌کند.

به وسیله k امین IPC، است. علاوه بر شاخص های محاسبه شده، شاخص گزینش هم زمان (SSI=Simultaneous Selection Index) نیز برای هریک از شاخص ها محاسبه شد که حاصل جمع رتبه ژنوتیپ ها بر پایه هریک از شاخص های پایداری AMMI و رتبه میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ ها در تمام محیط ها است (Farshadfar et al., 2012). نمودارهای بای پلات نوع اول AMMI (IPCA1 vs Yield) و نوع دوم AMMI2 (IPCA2 vs IPCA1) با روش استاندارد توضیح داده شده توسط زوبل و همکاران (Zobel et al., 1988) رسم شدند. قبل از تجزیه و تحلیل داده ها و محاسبه پارامترهای پایداری آزمون یکنواختی واریانس خطاهای آزمایشی (آزمون بارتلت) انجام و سپس تجزیه مرکب داده ها انجام شد. تجزیه واریانس مرکب با استفاده از نرم افزار SAS و تجزیه های آماری تجزیه AMMI و GGe-Biplot با استفاده از بسته تجزیه آزمایش های چند محیطی با نام (Multi environment trail Olivoto,) Metan (analysis) در نرم افزار R انجام شد (2019).

پایداری مبتنی بر مدل AMMI برازش شده (FA)، پارامتر D ژانگ (DZ)، پارامتر D آنیچاریکو (DA)، شاخص پایداری AMMI تعدیل شده (MASI)، ارزش پایداری AMMI تعدیل شده (MASV)، مجموع محیط های GEI مطلق مدل سازی شده توسط AMMI (AVAMGE) محاسبه شد (جدول ۲). نسبت SSIPC1/SSIPC2 در معادله ۱، وزن ویژه برای مؤلفه اصلی اول IPC1 است که از تقسیم مجموع مربعات IPC1 بر مجموع مربعات IPC2 (محور مؤلفه اصلی دوم) به دست آمده است. λ_n در معادلات ۴، ۶، ۸، ۱۱ و ۱۳ ریشه مشخصه IPC در n امین محور است که برای SIPC1 و SIPC2 به ترتیب برابر ۱ و تعداد مؤلفه های اصلی باقیمانده در مدل است. γ_{in} در معادلات ۳، ۴، ۵، ۶، ۸، ۹، ۱۱ و ۱۳ ریشه مشخصه n امین محور، N تعداد مؤلفه های اصلی معنی دار شده در تجزیه واریانس AMMI با آزمون F، در معادلات ۵، ۷ و θ_n درصد مجموع مربعات توجیه شده به وسیله n امین محور، در معادله ۲، $IPCA_{ik}$ نمره ژنوتیپ i در k امین محور مؤلفه اصلی برهمکنش (IPC) و EP_k واریانس توجیه شده

جدول ۲- پارامترها، شاخص ها و معادلات مورد استفاده برای انتخاب هم زمان ژنوتیپ ها

Table 2. Parameters, indices and the equations used for the simultaneous selection of genotypes

منبع	پارامترهای AMMI	شماره معادله
Purchase et al., 2000	$ASV = \sqrt{\frac{(SSIPCA\ 1)}{(SSIPCA\ 2)} (IPCA\ 1)^2 + (IPCA\ 2)^2}$	۱
Olivoto, 2019	$WAAS_i = \frac{\sum_{k=1}^p IPCA_{ik} \times EP_k }{\sum_{k=1}^p EP_k}$	۲
Zobel et al., 1988	$EV = \sum_{n=1}^N \frac{\gamma_{in}^2}{n}$	۳
Sneller et al., 1997	$SIPC = \sum_{n=1}^N \lambda_n^{0.5} \gamma_{in}$	۴
Zali et al., 2012	$Za = \sum_{n=1}^N \theta_n \gamma_{in} $	۵
Rao and Prabhakaran, 2005	$ASTB = \sum_{n=1}^N \lambda_n \gamma_{in}^2$	۶
Jambhulkar et al., 2004	$ASI = \sqrt{[PC_1^2 \times \theta_1^2] + [PC_2^2 \times \theta_2^2]}$	۷
Raju, 2002	$FA = \sum_{n=1}^N \lambda_n^2 \gamma_{in}^2$	۸
Zhang et al., 1998	$DZ = \sum_{n=1}^N \gamma_{in}^2$	۹
Ajay et al., 2018	$MASI = \sqrt{\sum_{n=1}^N PC_n^2 \times \theta_1^2}$	۱۰
Annicchiarico, 1997	$DA = \sqrt{\sum_{n=1}^N (\lambda_n \gamma_{in})^2}$	۱۱
Zali et al., 2012	$MASV = \sqrt{\sum_{n=1}^{N-1} \left(\frac{SSIPC_n}{SSIPC_{n+1}} \right) \times (PC_n)^2 \times (PC_N)^2}$	۱۲
Zali et al., 2012	$AVAMGE = \sum_{n=1}^E \sum_{j=1}^N \lambda_n \gamma_{in} \delta_{jn} $	۱۳

ASV: AMMI Stability Value, WAAS=Weighted Average of Absolute Scores, SIPC: Sum of IPCs Scores, EV: Eigenvalue Stability Parameter of AMMI, Za: Absolute value of relative contribution of IPCs to the interaction, ASTB: AMMI Based stability parameter, ASI: AMMI Stability index, FA: Stability measure based on fitted AMMI model, DZ: Zhangs D parameter, DA: Annicchiaricos D Parameter, MASI: Modified AMMI stability index, MASV: Modified AMMI stability value, AVAMGE: Sum across environments of absolute of GEI modelled by AMMI

نتایج و بحث

که اثرات سال، مکان، اثر متقابل سال \times مکان، ژنوتیپ، ژنوتیپ \times مکان، ژنوتیپ \times سال و ژنوتیپ \times مکان \times سال در سطح احتمال ۱ درصد معنی دار بود. این امر دلیل بر وجود اختلاف شرایط محیطی در مناطق و سال های مورد آزمایش می باشد (جدول ۳). معنی دار شدن اثرات متقابل دوگانه و سه گانه ژنوتیپ با سال و مکان (محیط) در این مطالعه نشان دهنده این است که ژنوتیپ ها در محیط های متفاوت پاسخ های متفاوتی نشان داده و به عبارت دیگر اختلاف بین

غیر معنی دار بودن آزمون بارتلت با میزان آماره کای اسکوئر برابر با ۱۱/۹۸ با درجه آزادی ۷، نشان دهنده یکنواختی واریانس خطا در آزمایشات انجام شده در ایستگاه های مختلف و سال های انجام آزمایش (محیط های مورد بررسی) بود. جهت بررسی وضعیت ژنوتیپ ها در محیط های مختلف تجزیه واریانس مرکب بر روی داده های حاصل از ۴ مکان (زنجان، خمین، بروجرد و شهرکرد) در دو سال انجام و نتایج نشان داد

عملکردهای ۱۷۳۷، ۱۷۸۸، ۱۸۱۳، ۱۹۷۵ و ۱۹۷۸ کیلوگرم در هکتار کمترین مقدار عملکرد دانه را در بین ژنوتیپ‌ها دارا بودند. تفاوت بین محیط‌ها می‌تواند به دلیل تفاوت‌های اقلیمی، خاک و مدیریت زراعی طی سال‌ها و مکان‌های انجام آزمایش در طی دوره رشدی گیاه باشد. در ارتباط با معنی‌دار شدن اثرات متقابل دوگانه و سه‌گانه ژنوتیپ با مکان و سال علاوه بر تفاوت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها، تفاوت واکنش آن‌ها به عوامل جغرافیایی و اقلیمی هم مؤثر بوده است؛ بنابراین صرفاً بر اساس مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها نمی‌توان ژنوتیپ با عملکرد بیشتر را تعیین کرد، بلکه باید تجزیه پایدار انجام شود تا ژنوتیپ‌های سازگار با شرایط منطقه که ضمن داشتن عملکرد دانه بالا، نوسانات عملکرد آن‌ها نیز در سال‌های مختلف کمتر باشد، شناسایی شوند. به این ترتیب، تجزیه پایدار عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها و ارقام شاهد با روش‌های مختلف انجام شد تا ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا و پایدار شناسایی شوند. زیر و غفور (Zubair and Ghafor, 2001) دوازده ژنوتیپ لوبیا را برای پایدار عملکرد دانه در هفت محیط مختلف مورد ارزیابی قرار داده و مشخص شد که ژنوتیپی با عملکرد بالا در یک محیط لزوماً در محیط‌های دیگر نیز دارای عملکرد بالایی نبوده و اثر متقابل ژنوتیپ در محیط بالایی برای عملکرد دانه وجود داشت.

ژنوتیپ‌ها از محیطی به محیطی دیگر یکسان نیست و پایداری عملکرد دانه می‌تواند مورد ارزیابی قرار گیرد. واکنش ژنوتیپ‌های مختلف به‌طور معمول به دلیل پاسخ متفاوت ژن‌ها و یا قدرت تظاهر متفاوت آن‌ها در محیط‌های مختلف است (Falconer, 1981; Jafari and Farshadfar, 2018). اثر اصلی محیط (مجموع اثر اصلی و متقابل) و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط (مجموع اثرات دوگانه و سه‌گانه) به ترتیب با ۲۳/۸ و ۵۳/۴ درصد بیشترین سهم را در مجموع مربعات کل واریانس مشاهده شده در آزمایشات داشتند (جدول ۳). سهم حدود ۲/۵ برابری اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از مجموع مربعات کل در مقایسه با اثر ژنوتیپ بیانگر احتمال وجود گروه‌های کلان محیطی Mega-environments بود که برخی ژنوتیپ‌ها حداکثر پتانسیل عملکرد خود را در آن گروه‌های محیطی به نمایش گذاشتند (Yan and Kang, 2003). با توجه به معنی‌دار بودن اثر اصلی ژنوتیپ، سهم اندک ژنوتیپ در مجموع مربعات کل را می‌توان به انتخاب مؤثر این ژنوتیپ‌ها در آزمایشات مقدماتی در برنامه‌های اصلاحی لوبیا نسبت داد (Samonte et al., 2005; Golkari et al., 2021). ژنوتیپ‌های G5، G12 و G17 به ترتیب با داشتن عملکردهای ۳۲۸۸، ۳۱۳۶ و ۳۱۱۱ کیلوگرم در هکتار بیشترین و ژنوتیپ‌های G2، G1، G3، G8 و G9 به ترتیب با داشتن

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز طی دو سال زراعی در محیط‌های مورد بررسی
Table 3. Combined variance analysis of seed yield of red bean genotypes during two crop years in the investigated environments.

Percentage of Sum of Square درصد مجموع مربعات	Mean Square میانگین مربعات	Sum of Square مجموع مربعات	DF درجه آزادی	Source منابع تغییر
0.0152	6051706.1**	6051706.1	1	سال
0.13887	18434072.6**	55302217.9	3	مکان
0.08432	11192980.4**	33578941.3	3	سال × مکان
0.00506	125867.3	2013876.1	16	بلوک (سال × مکان)
0.22214	5529015.3**	88464244.4	16	ژنوتیپ
0.03155	785197.8**	12563164.6	16	سال × ژنوتیپ
0.2818	2337944.9**	112221354.0	48	مکان × ژنوتیپ
0.10196	845893.4**	40602885.3	48	سال × ژنوتیپ
0.11911	185285.6	47433104.6	256	خطا
1		398231494.3	407	کل
			18.04%	ضریب تغییرات CV%

**and *: significant at the probability level of 1 and 5%, respectively

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

(Karimzadeh et al., 2020). بنابراین علی‌رغم معنی‌دار شدن تمامی مؤلفه‌های مدل، اولین و دومین مؤلفه اصلی بیشترین سهم (۶۶/۵ درصد) را در بیان اثر متقابل ژنوتیپ × محیط داشتند و مؤلفه‌های دیگر در درجات بعدی اهمیت قرار گرفتند. بزرگی درصد توجه واریانس کل توسط هریک از مؤلفه‌ها در تفکیک بهتر ژنوتیپ‌ها و اعتبار روابط مشاهده شده مؤثر است. کوشکی و همکاران (Koshki et al., 2017) در بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در ژنوتیپ‌های لوبیا سفید نشان دادند که تأثیر اثر متقابل ژنوتیپ × محیط از اثر اصلی ژنوتیپ بر روی عملکرد بیشتر بود و شش مؤلفه اصلی بر عملکرد دانه معنی‌دار بودند.

تجزیه AMMI

نتایج تجزیه واریانس AMMI برای اثرات اصلی جمع‌پذیر و ضرب‌پذیر در جدول ۴ آورده شده است. تجزیه واریانس اثرات افزایشی نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها، محیط‌ها و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. هفت مؤلفه اصلی اول تا هفتم در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بودند. در روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ترکیب خطی متغیرها برای تبیین بیشترین مقدار واریانس آن‌ها به‌گونه‌ای برآورد می‌شود که اولین مؤلفه بیشترین مقدار واریانس مؤلفه‌ها 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).

جدول ۴- تجزیه AMMI برای عملکرد دانه لاین‌های امیدبخش لوبیا قرمز

Table 4. AMMI analysis for seed yield of promising red bean lines

Percentage of Sum of Square درصد مجموع مربعات	Mean Square میانگین مربعات	Sum of Square مجموع مربعات	DF درجه آزادی	Source منابع تغییر
	13561838**	94935865	7	محیط
	125867	2013876	16	تکرار (محیط)
	5529015**	88464244	16	ژنوتیپ
	1476673**	165387404	112	محیط × ژنوتیپ
0.410	3083680**	67840957	22	مؤلفه اصلی اول
0.264	2180432**	43608640	20	مؤلفه اصلی دوم
0.139	1279710**	23034779	18	مؤلفه اصلی سوم
0.076	785225**	12563604	16	مؤلفه اصلی چهارم
0.054	632715**	8858004	14	مؤلفه اصلی پنجم
0.039	531310**	6375722	12	مؤلفه اصلی ششم
0.019	310570**	3105698	10	مؤلفه اصلی هفتم
0.410	185287	47433105	256	باقیمانده
		563618898	519	کل
				Environment
				Replication (Environment)
				Genotype
				Genotype × Environment
				PC1
				PC2
				PC3
				PC4
				PC5
				PC6
				PC7
				Residual
				Total

** and *: significant at the probability level of 1 and 5%, respectively

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

(جدول ۵). همچنین ژنوتیپ‌های G15، G10، G1 و G16 (بیشترین و ژنوتیپ‌های G2، G9 و G13 دارای کمترین مقادیر مؤلفه اصلی دوم IPC2 بودند. به همین ترتیب هیچ‌کدام از محیط‌ها دارای کمترین مقدار (نزدیک به صفر) در اولین محور مؤلفه اصلی (IPCA1) و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نبودند ولی محیط‌های Bro2، Zhan1 و Kho1 دارای کمترین مقدار مؤلفه دوم بودند که از بین آنها تنها محیط Zhan1 عملکرد بالاتری از میانگین عملکرد کل بود بنابراین نسبت به محیط‌های دیگر پایداری عملکرد بهتری داشت (جدول ۵).

ژنوتیپ‌های دارای مقادیر بزرگ (مثبت یا منفی) مؤلفه اصلی اول (IPCA1) اثر متقابل بالایی با محیط نشان دادند (جدول ۵). در مقابل، ژنوتیپ‌های دارای مقادیر نزدیک به صفر اثر متقابل پایینی داشتند. بر این اساس به ترتیب ژنوتیپ‌های منفی (IPCA1) بودند. در مقابل به ترتیب ژنوتیپ‌های G3، G8، G16، G5، G4، G17 و G12 دارای بیشترین مقادیر (مثبت و مثبت) بودند. در مقابل به ترتیب ژنوتیپ‌های G2، G7 و G11 دارای مقادیر مؤلفه اصلی اول (IPCA1) نزدیک به صفر بودند ولی تنها ژنوتیپ G11 عملکردی بالاتر از میانگین عملکرد کل نشان داد و به همین دلیل می‌تواند به عنوان ژنوتیپ پایدار با سازگاری عمومی بالا معرفی شوند

جدول ۵- عملکرد و مؤلفه‌های اصلی اول تا هفتم، برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌های مورد بررسی

Table 5. Yield and main components from the first to the seventh, for the studied genotypes and environments

رقم	عملکرد	IPCA1	IPCA2	IPCA3	IPCA4	IPCA5	IPCA6	IPCA7
G1	1813	-6.352	19.92	5.87	2.02	3.63	7.45	-6.6
G2	1975	-1.849	-1.57	-13.49	-10.47	15.58	-9.97	-7.59
G3	1788	1.132	-9.99	-5.727	-16.03	18.71	5.13	-2.61
G4	2427	-34	-5.5	-5.66	7.17	1.55	0.58	-3.11
G5	3136	-31	-10.72	2.33	4.28	1.61	17.3	11.21
G6	2009	6.224	-24.5	-4.66	3.68	-12.67	0.08	2.72
G7	2342	-2.64	-9.03	17.83	2.05	4.09	8.33	-5.25
G8	1737	0.35	12.67	-11.33	1.45	-7.23	6.04	5.13
G9	1978	15.31	-2.95	-5.56	-5.81	0.14	6.47	0.71
G10	2269	15.12	21.57	-21.3	21.49	-5	2.67	2.84
G11	2719	5.185	14.49	-2.95	-2.26	13.04	-9.21	14.7
G12	3288	-18.33	8.73	25.36	0	-5.59	-20.51	8.9
G13	2548	9.714	3.03	4.83	-26.12	-22.22	5.87	0.14
G14	2592	17.82	-17.4	16.34	19.93	1.26	-1.82	-10.16
G15	2396	17.34	-27.96	-9.49	1.18	-1.44	-11.66	6.67
G16	2437	25.12	19.39	19.12	-0.5	5.61	4.36	-1.64
G17	3111	-18.65	9.82	-11.47	-2.09	-11.08	-11.12	-16.07
محیط	عملکرد	PCA1	PCA2	PCA3	PCA4	PCA5	PCA6	PCA7
Bro1	2916	35.3	-24.74	5.8	-18.7	-21.32	1.19	-2.02
Bro2	2258	32.78	-5.76	-26.84	13.24	16.8	-12.43	4.99
Kho1	2227	-6.85	-23.01	3.33	20.46	-12.93	-15.54	-16.87
Kho2	2410	-19.41	-16.57	14.73	13.72	-3.91	4.48	23.24
Sha1	1603	-9.68	41.35	-22.27	-6.59	-16.91	3.65	5.612
Sha2	2047	23.94	29.89	32.76	6.67	10.53	5.85	-4.83
Zan1	3285	-25.69	-1.86	6.01	-28.75	16.83	-14.95	0.31
Zan2	2342	-14.22	-15.45	-13.53	-0.05	10.91	27.73	-10.44

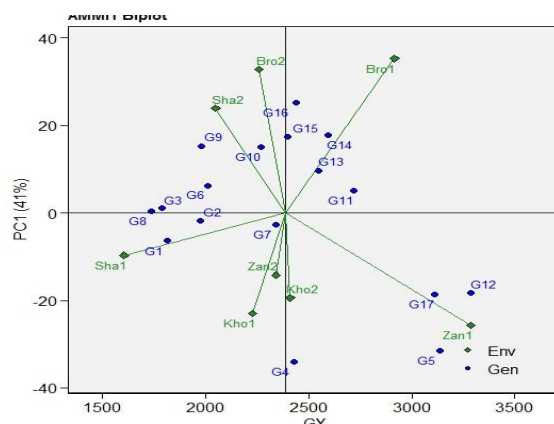
Bro1 و Bro2: Borujerd first and second year, Kho1 and Kho2: Khomin first and second year, Sha1 and Sha2: Shahrekord first and second year, Zan1 and Zan2: Zanjan first and second year

دارای اثر متقابل پایین هستند. همان‌طور که گفته شد ژنوتیپ‌های G1، G2، G3، G4، G5، G6، G7، G8، G9 و G11 تا حدودی دارای اثر متقابل پایینی هستند ولی تنها ژنوتیپ G11 دارای عملکردی بالاتر از میانگین بوده و می‌تواند به عنوان ژنوتیپ با سازگاری عمومی بالاتر معرفی شود. بر همین اساس ژنوتیپ‌های G4، G5 و G16 با دارا بودن شرایط متضاد و بیشترین فاصله از خط $IPC1=0$ ناسازگارترین ژنوتیپ‌ها بودند. ژنوتیپ‌های G13، G17، G13 و G14 با دارا بودن بیشترین عملکرد ولی با فاصله از خط محور $IPC1=0$ می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌هایی با سازگاری خصوصی معرفی شوند. ژنوتیپ‌ها و

بای‌پلات‌های AMMI

نمودار پراکنش محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها و بر مبنای مؤلفه اصلی اول و میانگین عملکرد، ژنوتیپ‌ها را به چهار دسته تقسیم‌بندی می‌کند (شکل ۱). محور افقی این نمودار نشان‌دهنده $IPC1=0$ است که ناحیه نبود اثر متقابل را نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌ها و محیط‌های واقع روی این خط دارای واکنش مشابهی از نظر اثر متقابل هستند. ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که اثر متقابل بالایی را نشان می‌دهند، دارای مقادیر بزرگ برای اولین مؤلفه هستند؛ درحالی‌که ژنوتیپ‌ها و محیط‌های دارای مقادیر نزدیک به صفر برای اولین مؤلفه اصلی

محیط‌هایی که علامت یکسانی را برای مقادیر IPC1 دارند، اثر متقابل مثبت و ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی با علامت‌های متضاد، اثر متقابل منفی را به وجود می‌آورند (Yan and Hunt, 2002).



شکل ۱- پراکنش ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر اساس میانگین عملکرد و مقادیر مربوط به مؤلفه اول تجزیه AMMI
Fig 1. Distribution of genotypes and environments based on yield and IPC1 of AMMI analysis

است. به دلیل این که ژنوتیپ‌های G2، G7، G3 و تا حدودی G8 و G13 در این نمودار نزدیک به مرکز قرار گرفته‌اند می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شوند و با توجه به اینکه در نمودار قبل از نظر میزان متوسط عملکرد تنها ژنوتیپ G13 از بین این ژنوتیپ‌ها در تمامی محیط‌ها دارای مقدار عملکرد بیشتری بود، این ژنوتیپ را می‌توان به عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد مناسب معرفی کرد.

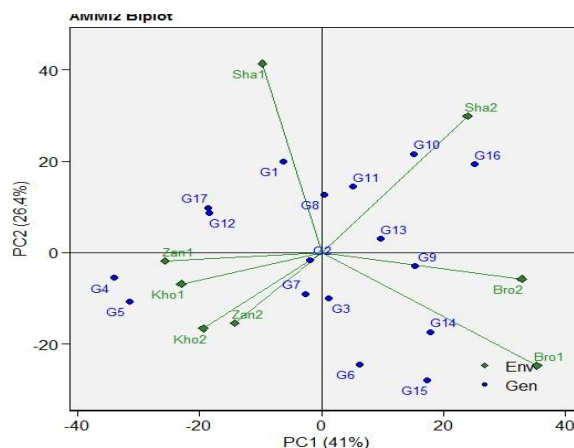
شاخص‌های پایداری مبتنی بر تجزیه AMMI و شاخص انتخاب هم‌زمان

همان‌طور که گفته شد ژنوتیپ‌های G5، G12 و G17 به ترتیب بیشترین و ژنوتیپ‌های G1، G3، G8 و G2 و G9 به ترتیب کمترین مقدار عملکرد دانه را در بین ژنوتیپ‌ها دارا بودند. بر مبنای شاخص پایداری ASV، ژنوتیپ‌های G2، G7، G3 و G8 به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند (جدول ۶). پژوهشگران دیگری نیز از این شاخص برای تجزیه پایداری استفاده کرده‌اند (Danyali, et al., 2012; Pouresmael et al., 2018). از آنجا که در محاسبه شاخص WAAS همه مؤلفه‌های اصلی معنی‌دار به کار گرفته می‌شوند این شاخص نسبت به دیگر شاخص‌های تجزیه AMMI برتر بوده و چنین نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های پایدار شناسایی شده با این شاخص دارای اعتبار بیشتری است (Olivoto et al., 2019). بر پایه این شاخص ژنوتیپ‌های G2، G3، G7 و G11 به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. بر اساس شاخص SIPC ژنوتیپ‌های G1، G7، G8، G9 و G11، بر اساس شاخص ZA ژنوتیپ‌های G2، G7، G8، G11 و G3، بر اساس شاخص EV ژنوتیپ‌های G1، G7، G8، G9 و G11، بر اساس شاخص ASTB ژنوتیپ‌های G2، G7، G8، G9 و G11، بر اساس شاخص ASI ژنوتیپ‌های G2، G3، G7 و G8، بر اساس شاخص FA ژنوتیپ‌های G2، G7، G8، G9 و G11، بر اساس شاخص DZ ژنوتیپ‌های G1، G7، G8، G9 و G11، بر اساس شاخص DA ژنوتیپ‌های G2، G7، G8، G9 و G11، بر اساس شاخص MASI ژنوتیپ‌های G2، G3، G7 و

ترسیم بای پلات اطلاعات کلی در خصوص اثرات هم‌زمان دو متغیر محیطی و ژنوتیپی در اختیار قرار می‌دهد. به این منظور دسته‌بندی ارقام و محیط‌ها بر اساس اطلاعات بیان شده توسط مؤلفه‌های اصلی اول و دوم اثر متقابل، به طور هم‌زمان انجام شد. در این خصوص توجه به زاویه بین بردارهای محیط در تفسیر مشابهت‌های محیطی ضروری است. زاویه بسته بین دو بردار محیطی مشخص کننده همبستگی هم‌جهت و بالای دو محیط است. زاویه راست بین دو بردار محیطی بیانگر عدم وجود همبستگی و زاویه باز بین دو بردار محیطی بیانگر همبستگی منفی دو محیط از لحاظ ایجاد اثر متقابل است (Rabiei & Khodambashi, 2020). از بای پلات AMMI2 که در آن محیط‌ها از طریق خط‌هایی به مبدأ بای پلات وصل می‌شوند برای ارزیابی توانایی تفکیک محیط‌ها و درک روابط بین آن‌ها استفاده می‌شود. بر این اساس محیط‌های Sha1، Bro2، Bro1 و Sha2 با بردارهای بلند، از توانایی جداکنندگی بیشتری برخوردار بودند (البته چهار محیط دیگر نیز طول بردارهای متوسطی دارند) و می‌توانند کارایی نسبی ژنوتیپ‌ها را به درستی ارزیابی کرده و ژنوتیپ‌ها را بهتر تفکیک کنند. این محیط‌ها می‌توانند برای گزینش ژنوتیپ‌های ویژه، با توجه به تقسیم محیط‌های هدف به محیط‌های کلان استفاده شوند. محیط‌های نزدیک به مبدأ بای پلات توانایی جداکنندگی ندارند و اطلاعات اندکی در مورد ژنوتیپ‌ها ارائه می‌دهند و از این رو نباید به عنوان محیط‌های آزمایشی مرجع به کار گرفته شوند (Karimzadeh et al., 2020). بر این اساس با توجه به بای پلات AMMI2، هر دو سال یک مکان مورد بررسی دارای همبستگی زیادی با هم بودند به طوری که محیط‌های Bro1 و Bro2 از یک طرف و محیط‌های Kho1 و Kho2 و در نهایت Zan1 و Zan2 از طرف دیگر با هم دارای همبستگی مثبت بالا (اثر یکسان) جهت ایجاد اثر متقابل هستند (شکل ۲). همچنین با توجه به زاویه باز بین بردارهای ایستگاه‌ها (به جز دو ایستگاه Bro و Zan که زاویه بسته دارند) همبستگی پائینی بین ایستگاه‌ها مشاهده شد که نشان‌دهنده تأثیر متفاوت هر کدام از آن‌ها در ایجاد اثر متقابل

در نظر گرفتن عملکرد دانه است. به همین دلیل ژنوتیپ‌های G1، G2، G3، G7، G8 و G9 عملکردی کمتر از متوسط عملکرد ژنوتیپ‌ها در کل محیط‌های مورد بررسی (۲۳۸۶ کیلوگرم در هکتار) به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار گزینش شده‌اند.

G8 و G11، براساس شاخص MASV ژنوتیپ‌های G8، G9، G11 و G2 و براساس شاخص AVAMGE ژنوتیپ‌های G1 و G9، G2، G7، G8 به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. انتخاب ژنوتیپ‌های برتر با هر کدام از شاخص‌های پایداری ذکر شده، فقط بر پایه جنبه پایداری ژنوتیپ‌ها و بدون



شکل ۲- نمودار بای پلات حاصل از ترسیم دو مؤلفه اول تجزیه AMMI

Fig 2. Biplot diagram resulting from drawing the first two components of AMMI analysis

G12 و G13، بر پایه شاخص ssiMASI ژنوتیپ‌های G11، G12، G13 و G7، بر پایه شاخص انتخاب هم‌زمان ssiMASV ژنوتیپ‌های G11، G17، G9، G5 و G7، بر پایه شاخص انتخاب هم‌زمان ssiAVAMGE ژنوتیپ‌های G11، G17، G13 و G12 به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا انتخاب شدند (جدول ۷). در مجموع پارامترها نیز ژنوتیپ‌های G11، G17، G13 و G12 دارای کمترین مجموع بوده و می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا انتخاب شوند. کریمی‌زاده و همکاران (Karimzadeh *et al.*, 2021) در تجزیه پایداری ژنوتیپ‌های مختلف عدس از شاخص‌های پایداری مختلف استفاده کردند و در ارتباط با مقایسه شاخص‌ها، شاخص WAAS را به دلیل این که تمامی مؤلفه های اصلی معنی‌دار با وزن‌های متفاوت در محاسبه آن به کار گرفته می‌شوند و پایداری عملکرد را به شکل بهتری نشان می‌دهند را جهت تعیین پایداری ژنوتیپ‌ها، بهترین شاخص معرفی کردند.

برای پرهیز از گزینش ژنوتیپ‌هایی با عملکرد پایین به عنوان ژنوتیپ برتر، شاخص انتخاب هم‌زمان (ssi) بر پایه هر کدام از شاخص‌های پایداری پیشنهاد شده است (Farshadfar, 2008) که در این شاخص به هر دو جنبه عملکرد و پایداری توجه شده است. بر پایه شاخص انتخاب هم‌زمان ssiASV ژنوتیپ‌های G11، G12، G13 و G7، بر پایه شاخص انتخاب هم‌زمان ssiWAAS ژنوتیپ‌های G11، G12، G13 و G7 و بر پایه شاخص ssiSIPC ژنوتیپ‌های G11، G7، G5، G17 و G9، بر پایه شاخص ssiZA ژنوتیپ‌های G11، G12، G17 و G7، بر پایه شاخص ssiEV ژنوتیپ‌های G11، G17، G9 و G4، بر پایه شاخص ssiASTAB ژنوتیپ‌های G11، G17، G7 و G9، بر پایه شاخص ssiASI ژنوتیپ‌های G11، G12، G13 و G7، بر پایه شاخص ssiFA ژنوتیپ‌های G11، G17، G12 و G7، بر پایه شاخص ssiDZ ژنوتیپ‌های G11، G17، G7 و G9، بر پایه شاخص ssiDA ژنوتیپ‌های G11، G17، G7،

جدول ۵- شاخص‌های انتخاب هم‌زمان بر مبنای شاخص‌های پایداری مختلف برای ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز

Table 5. Simultaneous selection indices based on different stability indices for red bean genotypes

ژنوتیپ	ssiASV	ssiWAAS	ssiSIPC	ssiZA	ssiEV	ssiASTAB	ssiASI	ssiFA	ssiDZ	ssiDA	ssiMASI	ssiMASV	ssiAVAMGE
G1	22	23	19	22	18	20	22	22	18	22	22	22	20
G2	15	15	21	15	23	20	15	16	23	16	15	18	17
G3	19	19	25	20	26	23	19	22	26	22	18	22	23
G4	25	25	16	20	15	18	25	25	15	25	25	19	25
G5	18	18	13	17	16	17	18	18	16	18	18	14	18
G6	21	21	18	21	18	21	21	21	18	21	21	21	22
G7	12	14	13	13	14	13	12	14	14	14	13	15	12
G8	21	19	19	19	19	19	21	18	19	18	21	19	18
G9	21	19	14	19	14	14	21	16	14	17	21	14	17
G10	23	26	28	27	26	28	23	25	26	25	24	28	26
G11	10	9	9	9	9	8	10	9	9	9	9	7	10
G12	11	12	17	12	17	17	11	13	17	13	12	15	15
G13	11	13	19	14	23	19	11	16	23	16	12	16	14
G14	18	17	20	18	18	16	18	18	18	16	17	18	17
G15	23	22	21	23	21	21	23	22	21	22	23	24	20
G16	22	24	21	24	18	21	22	18	22	22	22	23	20
G17	14	13	13	13	11	11	14	11	11	11	13	11	12

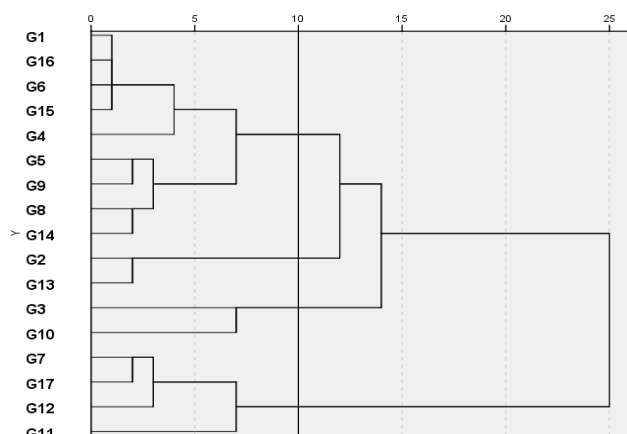
جدول ۶- شاخص‌های پایداری محاسبه‌شده برای ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز

AVAMGE	MASV	MASI	DA	DZ	FA	ASI	ASTAB	EV	ZA	SIPC	WAAS	ASV	عملکرد	ژنوتیپ
2983	41.5	5.94	1383	0.416	1912952	5.87	545	0.029	0.154	45.3	9.49	22.2	1813	G1
2778	37.6	2.4	1147	0.575	1316415	0.86	640	0.055	0.101	52.9	5.17	3.28	1975	G2
3329	41.1	3.22	1282	0.621	1642740	2.68	767	0.064	0.121	56.7	6.44	10.1	1788	G3
6354	55.9	14	2411	0.538	5812152	14	1273	0.048	0.255	54.5	17.1	53.2	2427	G4
6246	56.3	13.2	2376	0.676	5643912	13.2	1432	0.076	0.266	67.7	17.5	50.1	3136	G5
4174	51.5	7.02	1684	0.523	2837464	6.95	835	0.046	0.177	51.8	10.8	26.3	2009	G6
2636	38.6	3.63	1168	0.444	1363971	2.62	497	0.033	0.119	44	6.77	9.92	2342	G7
2028	33.9	3.73	1056	0.381	1115278	3.35	380	0.024	0.104	39.1	5.9	12.7	1737	G8
2778	28.5	6.39	1168	0.329	1363602	6.33	350	0.018	0.135	36.2	8.69	24	1978	G9
5398	68.8	9.08	2263	0.761	5121738	8.42	1643	0.097	0.284	87.2	17.2	31.9	2269	G10
3235	35.6	4.47	1174	0.473	1378084	4.38	505	0.037	0.131	47.1	7.73	16.6	2719	G11
5292	61.1	8.66	2083	0.794	4338379	7.86	1508	0.105	0.242	78.5	14.7	29.8	3288	G12
3856	52	4.73	1686	0.822	2842944	4.06	1337	0.112	0.162	71.8	9.03	15.4	2548	G13
5020	59.6	9.05	2055	0.663	4222700	8.63	1289	0.073	0.26	74.6	16.1	32.7	2592	G14
4727	63	10.3	2205	0.629	4864148	10.2	1312	0.066	0.263	69.1	16.7	38.8	2396	G15
5181	64.7	11.8	2352	0.628	5530535	11.5	1424	0.065	0.295	74.1	18.9	43.6	2437	G16
4063	44.7	8.27	1669	0.552	2786889	8.08	827	0.051	0.212	64.2	13.3	30.6	3111	G17

G10، در گروه سوم ژنوتیپ‌های G2 و G13 و در نهایت در گروه چهارم ژنوتیپ‌های G1، G4، G5، G6، G8، G9، G14، G15 و G16 قرار گرفتند. استفاده از تجزیه کلاستر در بررسی پایداری عملکرد ژنوتیپ‌های مختلف توسط محققین مختلفی گزارش شده است (Akbari et al., 2014; Karimzadeh et al., 2021).

گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه براساس شاخص‌های انتخاب هم‌زمان

براساس شاخص‌های انتخاب هم‌زمان محاسبه‌شده ژنوتیپ‌های موردنظر با استفاده از تجزیه خوشه‌ای با روش UPGMA گروه‌بندی شدند (شکل ۳). با توجه به نتایج، ژنوتیپ‌ها در چهار گروه قرار گرفتند. در گروه اول ژنوتیپ‌های G17، G11، G12 و در گروه دوم ژنوتیپ‌های G3 و



شکل ۳- دندروگرام ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر مبنای شاخص‌های انتخاب هم‌زمان مورد مطالعه
Fig 3. Dendrogram of studied genotypes based on studied simultaneous selection indices

G12>G5>G17>G11>G14>G13>G16>G4>G7
>G15>G10>G6>G9>G1>G2>G8>G3

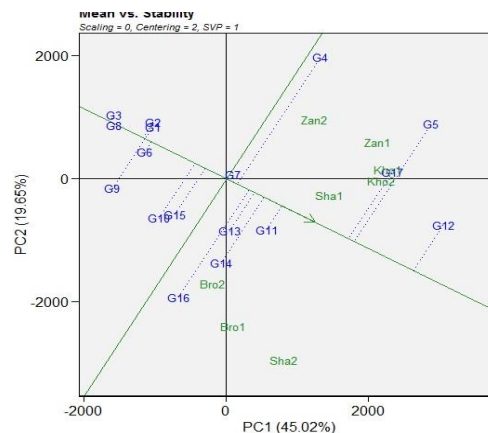
محور عمودی AEC از یک خط با دو پیکان تشکیل می‌شود که از مبدأ بای‌پلات می‌گذرد و عمود بر محور افقی AEC است. عمود معنی اورتوگونال (مستقل) را می‌دهد؛ بنابراین اگر محور افقی AEC نشان‌دهنده ژنوتیپ باشد، محور عمودی AEC باید برآوردی از اثر متقابل ژنوتیپ و محیط مرتبط با هر ژنوتیپ را فراهم کند که معیار تغییرپذیری یا ناپایداری ژنوتیپ‌ها است. محور عمودی بیان می‌دارد که تصاویر بزرگ‌تر صرف‌نظر از جهت آن‌ها به مفهوم ناپایداری بیشتر است. بر این اساس، ژنوتیپ‌های نزدیک به محور افقی AEC شامل G1، G2، G3، G8 و G7 دارای بیشترین پایداری عمومی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها علیرغم داشتن کمترین عملکردها می‌باشند. باقی ژنوتیپ‌ها که نزدیک به بالا و پایین بای‌پلات قرار دارند، متغیرتر بوده و پایداری کمتری نسبت به این ژنوتیپ‌ها دارند.

تجزیه GGE Biplot

میانگین عملکرد و پایداری

تجسم میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها از طریق ترسیم یک مختصات محیط متوسط در بای‌پلات (AEC) مبتنی بر ژنوتیپ حاصل می‌شود. شکل ۴، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها را بر اساس میانگین عملکرد دانه و میزان پایداری در محیط‌های مورد مطالعه نشان می‌دهد. ابتدا یک محیط متوسط که با یک دایره کوچک (در شکل مشخص نیست) نشان داده شده است، با استفاده از میانگین نمره‌های PC1 و PC2 محیط‌ها تعریف می‌شود. خطی که از مبدأ بای‌پلات و محیط متوسط عبور می‌کند را می‌توان به عنوان محور محیط متوسط در نظر گرفت که عبارت از محور افقی AEC است. ارقام در طول این محور رتبه‌بندی شده و پیکان موجود در روی این محور، میانگین عملکرد بیشتر را نشان می‌دهد. بر این اساس میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها به ترتیب زیر می‌باشد.

طبق این شکل ژنوتیپ‌های G5، G12 و G17 دارای بیشترین عملکرد ولی پایداری نسبتاً کمتری هستند.

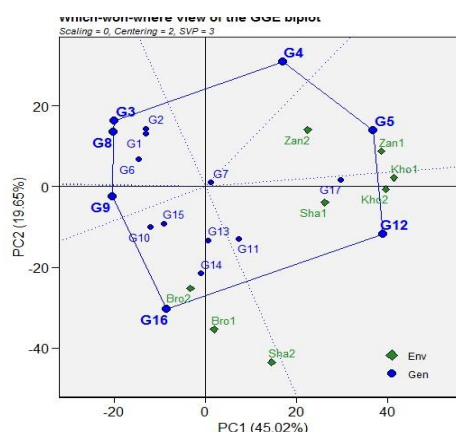


شکل ۴- گزینش هم‌زمان برای عملکرد دانه و پایداری ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز در محیط‌های مختلف
Fig 4. Simultaneous selection for grain yield and stability of red bean genotypes in different environments

عملکرد بهترین و یا ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها در بعضی از محیط‌ها و یا همه محیط‌ها بودند، با توجه به خطوط عمود رسم شده از مرکز به ضلع‌ها، چندضلعی به چند بخش تقسیم می‌شود. هر بخش دارای یک ژنوتیپ رأس است و سایر ژنوتیپ‌ها در برخی یا تمام محیط‌های آزمون از کمترین عملکرد برخوردار هستند. ژنوتیپ G5 در محیط‌های Zan1 و Zan2، ژنوتیپ G12 در محیط‌های Kho1، Kho2 و Sha1 و ژنوتیپ G16 در محیط‌های Bro1، Bro2 و Sha2 بیشترین عملکرد را از خود نشان دادند. هیچ محیطی در بخشی که ژنوتیپ‌های G8، G9، G4، G3 و G16 به عنوان رقم رأس محسوب می‌شد، قرار نداشتند. این امر نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها در هیچ یک از محیط‌ها بهترین نبودند. افزون بر این نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها در برخی یا همه محیط‌ها دارای کمترین عملکرد هستند.

الگوی کدام- برتر- کجا

نمایش چندضلعی برای ۱۷ ژنوتیپ مورد بررسی لوبیا در هشت محیط در شکل ۵ نشان داده شده است. این شکل بهترین روش برای تجسم الگوهای اثر متقابل بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و تفسیر صحیح یک بای پلات است (Barati et al., 2020). چندضلعی با پیوستن ژنوتیپ‌هایی که دورترین فاصله را از مبدأ بای پلات دارند (ارقام رأس)، به وسیله خطوط مستقیم حاصل می‌شود، به طوری که ژنوتیپ‌های دیگر در درون چندضلعی قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های رأس، بردارهای طولی در جهت‌های مربوط به خود دارند که معیاری از میزان پاسخ به محیط است و لذا در زمره لاین‌های واکنش پذیر هستند. سایر ژنوتیپ‌ها در جهت‌های مربوط به خود واکنش کمتر نشان می‌دهند (Yan and Tinker, 2006). لاین‌های رأس در این مطالعه G4، G5، G12، G3، G8، G9 و G16 بودند. به دلیل دارا بودن بیشترین فاصله از مرکز بای پلات این لاین‌ها از نظر



شکل ۵- نمایش گرافیکی انطباق ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز با محیط‌های مورد مطالعه
Fig 5. Graphical display for red bean genotypes adapted to the environments studied

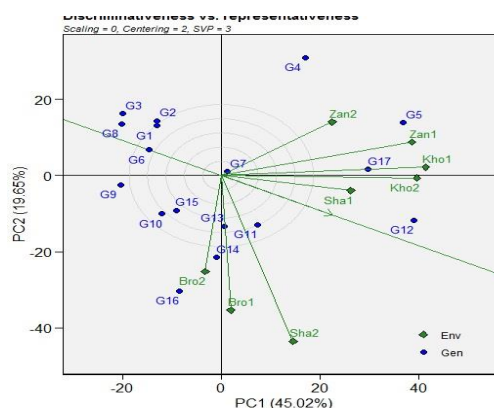
میزان نماینده شرایط سایر محیط‌های آزمایشی است؛ بنابراین محیط ایده‌آل باید ترکیبی از این دو ویژگی را داشته باشد تا بتواند ژنوتیپ‌های سازگار را تشخیص دهد. این خصوصیت در مدل GGE بای پلات تحت عنوان قدرت تفکیک محیط‌ها در

روابط بین محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها

توانایی تفکیک و تمایز یک محیط به توانایی محیط برای نشان دادن حداکثر تنوع بین ژنوتیپ‌ها برمی‌گردد ولی توانایی نمایندگی یک محیط بیانگر این است که محیط مورد نظر تا چه

هستند. محیط‌های با توانایی تمایز ولی غیر نماینده (به عنوان مثال محیط‌های Zan_1 , Zan_2 , Bro_1 و Bro_2) برای گزینش ژنوتیپ‌های خاص با توجه به محیط‌های کلان قابل استفاده هستند (شکل ۶). این دیدگاه از بای پلات همچنین محیط‌های اضافه را مشخص می‌کند. اگر برخی از محیط‌ها با یکدیگر همبستگی مثبت دارند، اطلاعات مربوط به ژنوتیپ‌های به دست آمده از این محیط‌ها مشابه خواهند بود. اگر این شباهت در طول سال‌ها قابل تکرار باشد، این محیط‌ها اضافه هستند و یک محیط واحد کفایت می‌کند. به دست آوردن اطلاعات یکسان یا بهتر با استفاده از محیط آزمایش کمتر، باعث کاهش هزینه و افزایش بازده اصلاحی می‌شود و پیشنهاد شده است که کاهش مکان‌ها سبب کاهش هزینه آزمایش می‌شود (Yan and Rajcan, 2002). زاویه کمتر از ۹۰ درجه در بین محیط‌ها حاکی از عملکرد مشابه آن‌ها در شناسایی و تفکیک ژنوتیپ‌ها می‌باشد. زاویه بین محیط‌ها در درون دو گروه محیطی کلان شناسایی شده نیز کمتر از ۹۰ درجه بود که حاکی از رفتار مشابه در رتبه‌بندی و تفکیک ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

برابر میزان نمایندگی آن‌ها (Discriminateness vs. Representativeness) ارائه شده است (Yan and Tinker, 2003). همان‌طور که گفته شد نمای برداری GGE Biplot می‌تواند اطلاعات مربوط به واریانس درون محیط را نیز ارائه دهد، به طوری که طول بردارهای محیط (در یک بای پلات محیط محور) تقریباً متناسب با انحراف استاندارد ژنوتیپ‌ها در هر محیط است (Kroonenberg, 1995)، در حالی که برای یک بای پلات متمرکز بر ژنوتیپ، تقریباً تنوع را در میان محیط‌ها نشان می‌دهد (Yan and Kang, 2003). طول بردارهای محیط متناسب با انحراف استاندارد در محیط‌های مربوطه و معیار توانایی تمایز محیط‌ها است (Yan and Tinker, 2003). توضیح این که محیط‌های با زاویه بسته نسبت به خط ATC، به خصوص آن‌هایی که بردارهای بلندتری نیز دارند، علاوه بر نمود عملکرد بالا (نمایندگی)، به خوبی می‌توانند ژنوتیپ‌های پایدار را از ژنوتیپ‌های ناپایدار تمیز دهند. این نمای بای پلات نشان داد که محیط‌های با توانایی تمایز و نمایندگی (کوچک‌ترین زاویه) (به عنوان مثال محیط‌های Sha_2 , Kho_1 و Kho_1) محیط‌های مناسبی برای انتخاب ژنوتیپ‌های سازگار

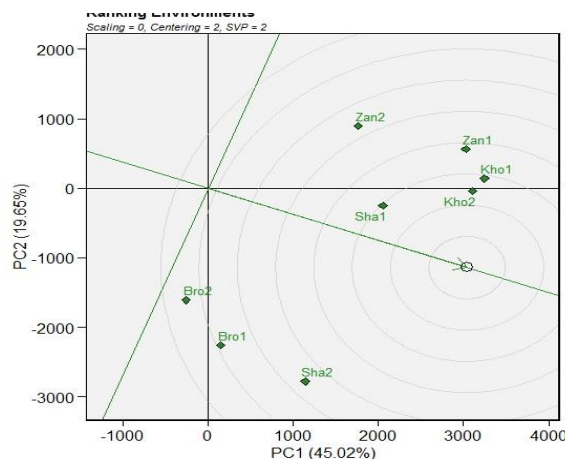


شکل ۶- روابط میان محیط‌ها و مقایسه هم‌زمان محیط‌ها از نظر قابلیت تفکیک ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز در مقابل نماینده بودن آن‌ها
Fig 6. The relationship among testing environments and compares the environments based on their red beans discriminateness vs. representativeness.

از تعریف یک محیط متوسط و استفاده از آن به عنوان مرجع یا معیار است. محیط متوسط در شکل ۷ به وسیله یک دایره کوچک نشان داده شده است. همان‌طور که قبلاً عنوان شد، خطی که از مبدأ بای پلات و محیط متوسط می‌گذرد، AEC است. زاویه بین بردار یک محیط و محور AEC معیاری برای شناسایی محیط نمونه است. از این رو، در این تحقیق هیچ محیط ایده‌آلی مشاهده نشد. ولی محیط‌های Kho_1 , Kho_2 و Sha_1 نسبت به محیط‌های دیگر به محیط ایده‌آل نزدیک‌تر بوده و می‌توانند تا حدودی جهت تمایز ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از آن‌ها استفاده کرد. از طرف دیگر محیط‌های به دلیل بیشترین فاصله از محیط ایده‌آل، Bro_1 و Bro_2 به هیچ عنوان نباید جهت بررسی ژنوتیپ‌ها مورد استفاده قرار گیرند (شکل ۷).

رتبه‌بندی محیط‌ها بر اساس محیط ایده‌آل

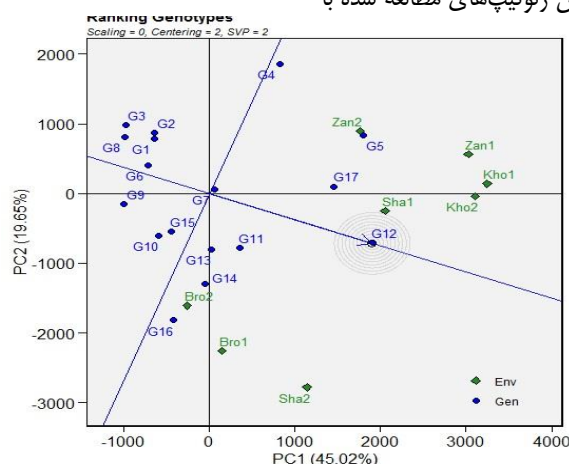
اگرچه آزمایش‌های چند محیطی برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها به کار می‌روند اما می‌توان از اطلاعات حاصل جهت ارزیابی محیط‌ها نیز بهره برد. یک محیط ایده‌آل هم می‌تواند اختلاف بین ژنوتیپ‌ها را نشان دهد و هم‌زمان نماینده خوبی از محیط هدف باشد (Yan et al., 2010). محیط آزمون بدون توانایی تمایز، هیچ اطلاعاتی را درباره ژنوتیپ‌ها فراهم نمی‌کند، در نتیجه این محیط آزمون قابل استفاده نیست. همچنین اگر یک محیط آزمون نمایانگر محیط هدف نباشد، نه تنها بی‌فایده است، بلکه به علت فراهم نمودن اطلاعات نادرست درباره ژنوتیپ‌های مورد بررسی، می‌تواند گمراه‌کننده نیز باشد (Letta et al., 2008). روش شناسایی یک محیط نمونه در بای پلات، عبارت



شکل ۷- ارزیابی محیط‌های مورد بررسی نسبت به محیط ایده‌آل
Fig 7. Evaluation of investigated environments compared to the ideal environment

رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ژنوتیپ ایده‌آل دایره کوچک در شکل ۸ که روی محور افقی AEC واقع است و با یک پیکان به آن اشاره شده است، نشان‌دهنده رقم ایده‌آل است که به وسیله دو معیار تعریف می‌شود. دارای بالاترین عملکرد در محیط‌های مورد مطالعه بوده و کاملاً پایدار نسبت به شرایط محیطی باشد زیرا بر محور افقی AEC قرار گرفته است (Roustaie et al., 2003). چنین ژنوتیپی به عنوان لایینی که دارای بیشترین طول بردار میانگین ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و دارای حداقل نقش در پدیده اثر متقابل ژنوتیپ و محیط باشد، تعریف شده است. چنین رقم ایده‌آلی به ندرت در واقعیت وجود دارد. با این حال، می‌توان آن را به عنوان یک مرجع برای ارزیابی ارقام استفاده کرد. برای استفاده از ژنوتیپ ایده‌آل به عنوان مرجع ارزیابی، دایره‌های هم مرکزی در بای‌پلات به منظور تعیین گرافیکی فاصله بین ژنوتیپ‌های مطالعه شده با

ژنوتیپ ایده‌آل ایجاد شده است (شکل ۸). دایره هم‌مرکز، با برخورداری از ژنوتیپ ایده‌آل در مرکز، به تجسم فاصله بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و رقم ایده‌آل کمک می‌کنند. همان‌طور که گفته شد ژنوتیپی که در مرکز دایره‌ها قرار می‌گیرد ژنوتیپی با میانگین عملکرد بالا و دارای پایداری عملکرد بالاست. بنابراین ژنوتیپ G12 را می‌توان به عنوان ژنوتیپ مطلوب که دارای میانگین عملکرد بالا و نیز پایداری عملکرد بالایی باشد، در نظر گرفت. به همین ترتیب ژنوتیپ‌های G17، G5 و G11 در مرحله بعد نسبت به ژنوتیپ ایده‌آل قرار دارند و تا حدودی می‌توان آن‌ها را نیز به عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب در نظر گرفت. ولی ژنوتیپ‌های G3، G8، G2، G1، G6 و G9 با بیشترین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل به عنوان ژنوتیپ‌های نامطلوب شناخته شدند.



شکل ۸- ارزیابی ژنوتیپ‌های لوبیا قرمز نسبت به ژنوتیپ ایده‌آل
Fig 8. Evaluation of red bean genotypes compared to the ideal genotype

ژنوتیپ‌هایی با اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط کمتر انتخاب می‌شوند. با توجه به معنی‌دار بودن اثر محیط، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط و سهم ۲۳/۸، ۲۲/۲ و ۵۳/۴ درصدی آن‌ها از مجموع مربعات کل، تجزیه پایداری با استفاده از تجزیه AMMI و شاخص‌های پایداری و بای‌پلات‌های آن و تجزیه

نتیجه‌گیری کلی
اثر متقابل ژنوتیپ در محیط یکی از مهم‌ترین مسائل پیش روی به‌نژادگران به منظور معرفی و آزادسازی ارقام اصلاح شده می‌باشد. کشت ژنوتیپ‌ها در اقلیم‌های مورد آزمایش در مکان‌ها و سال‌های مختلف، سبب تعیین پایداری عملکرد شده و

پایداری نشان داد که ژنوتیپ‌های G1، G2، G3، G8 و G7 دارای بیشترین پایداری عمومی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها علیرغم داشتن کمترین عملکرد هستند در مقابل ژنوتیپ‌های G12، G5 و G17 دارای بیشترین عملکرد با پایداری کمتر می‌باشند. طبق نمودار کدام برتر کجا از تجزیه GGE Biplot ژنوتیپ G5 در محیط‌های Zhan1 و Zhan2، ژنوتیپ G12 در محیط‌های kho1، kho2 و Sha1 و ژنوتیپ G16 در محیط‌های Bro1، Bro2 و Sha2 بیشترین عملکرد را از خود نشان دادند. از نظر قدرت تمایز و تفکیک محیط‌ها مشاهده شد که محیط‌های Sha2، kho1 و kho2 محیط‌هایی با توانایی تمایز و نمایندگی جهت انتخاب ژنوتیپ‌های سازگار مناسب هستند. در مقابل محیط‌های Zhan1، Zhan2، Bro1 و Bro2 محیط‌های با توانایی تمایز ولی غیر نماینده برای گزینش ژنوتیپ‌های خاص با توجه به محیط‌های کلان قابل استفاده هستند. در این بررسی هیچ محیط ایده‌آلی مشاهده نشد. ولی محیط‌های kho1، kho2 و Sha1 به محیط ایده‌آل نزدیک‌تر بوده و می‌توانند جهت تمایز ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از آن‌ها استفاده کرد. از طرف دیگر محیط‌های Bro1 و Bro2 به دلیل بیشترین فاصله از محیط ایده‌آل، به هیچ عنوان نباید جهت بررسی ژنوتیپ‌ها مورد استفاده قرار گیرند. در نهایت ژنوتیپ G12 را می‌توان به عنوان ژنوتیپ مطلوب که دارای میانگین عملکرد بالا و نیز دارای پایداری عملکرد باشد، در نظر گرفت و در مرحله بعد ژنوتیپ‌های G5، G17 و G11 قرار داشتند.

GGE Biplot انجام شد. ژنوتیپ‌های G12، G5 و G17 به ترتیب با داشتن عملکردهای ۳۲۸۸، ۳۱۳۶ و ۳۱۱۱ کیلوگرم در هکتار بیشترین مقدار عملکرد دانه را در بین ژنوتیپ‌ها دارا بودند. تجزیه واریانس AMMI نشان داد که هفت مؤلفه اصلی اول، اثر معنی‌داری در اثر متقابل ژنوتیپ × محیط داشتند. اولین و دومین مؤلفه اصلی بیشترین سهم (۶۶/۵ درصد) را در بیان اثر متقابل ژنوتیپ × محیط داشتند. ژنوتیپ‌های G2، G3، G8 و G7 دارای مقادیر مؤلفه اصلی اول (IPCA1) نزدیک به صفر بودند ولی تنها ژنوتیپ G11 عملکردی بالاتر از میانگین عملکرد کل نشان داد؛ از طرف دیگر می‌توان ژنوتیپ G2 را به عنوان ژنوتیپ پایدار در تمامی محیط‌ها معرفی کرد. بر پایه نمودار بای پلات AMMI2 ژنوتیپ‌های G2، G3، G7 و تا حدودی G8 و G13 به دلیل نزدیکی به مرکز نمودار می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی شوند ولی تنها ژنوتیپ G13 از بین این ژنوتیپ‌ها در تمامی محیط‌ها دارای مقدار عملکرد بیشتری بود، بنابراین این ژنوتیپ را می‌توان به عنوان ژنوتیپ پایدار با عملکرد مناسب معرفی کرد. در مجموع شاخص‌های انتخاب هم‌زمان محاسبه شده بر پایه تجزیه AMMI نیز ژنوتیپ‌های G11، G17، G7، G13 و G12 می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا انتخاب شوند. تجزیه کلاستر نیز ژنوتیپ‌های G7، G17، G11 و G12 را در یک گروه و ژنوتیپ‌های G2 و G13 را در گروه مجزا قرار داد. نمودار تجزیه GGE Biplot بر اساس میانگین عملکرد و

References

- Ahmadi, K., Ebadzadeh, H.R., Hatami, F., Shahriar Mohammadnia Afroozi, S., Esfandiaripour E. & Abbas taghani, R. (2020). Agricultural statistics of crop year 2018-2019, First Volume: Crops. Statistics of Agricultural Products, Ministry of Jihad Agriculture, Planning and Economic Deputy, Information and Communication Technology Center.
- Ajay, B. C., Aravind, J., & Abdul Fiyaz, R. (2018). Ammistability: additive main effects and multiplicative interaction model stability parameters. *R Package Version, 11*.
- Akbari, M., Aghaie Sarbarzeh, M. & Mostafavi, K.H. (2014). Evaluation of yield stability of durum wheat using parametric and non-parametric methods, International Conference on New Achievements in Engineering and Basic Sciences. January 8-9, Odessa, Ukraine.
- Annicchiarico, P. (1997). Joint regression vs AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica*, 94, 53-62.
- Barati, A., Lakzadeh, I., Jabbari, M., Poodineh, O., Jafarby, J., Shahbazhomonlo, K., Gholipour, A. & Tabatabaei Fard, N.A. (2020). Evaluation of grain yield stability of irrigated barley (*Hordeum vulgare* L.) promising lines in warm regions of Iran using GGE biplot analysis. *Iranian Journal of Crop Science*, 22, 212-224 (In Persian with English Abstract).
- Barati, A., Tabatabaee, S.A., Mahlooji, M. & Saberi, M.H. (2019). Evaluation of grain yield and it's stability in barley promising lines in saline areas. *Agricultural Science and Sustainable Production*, 29(1), 1-13.
- Becker, H.C. & Leon, J. (1988). Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, 101: 1-25.
- Broughton, W. J., Hernandez, G., Blair, M., Beebe, S., Gepts, P. & Vanderleyden, J. (2003). Beans (*Phaseolus* spp.) model food legumes. *Plant soil*, 252, 55-128.
- Danyali, S.F., Razavi, F., Ebadi Segherloo, A., Dehghani, H. & Sabaghpour, S.H. (2012). Yield stability in chickpea (*Cicer arietinum* L.) and study relationship among the univariate and multivariate stability parameters. *Research in Plant Biology*, 2(3), 46-61.
- Dorri, H.R., Lak, M.R. & Assadi, B. (2014). Stability of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes in common bacterial blight condition using regression analysis, the additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) and Muir methods, *Iranian Journal of Pulses Research*, 5(2), 119-130 (In Persian with English Summary).
- Esmailzadeh Moghaddam, M., Zakizadeh, M., Akbari Moghaddam, H., Abedini Esfahlani, M., Sayahfar, M., Nikzad, A.R., Tabib Ghafari, S.M. & Lotfali Ayeneh, G.A. (2011). Genotype × environment interaction and stability of grain yield of bread wheat genotypes in dry and warm areas of Iran. *Seed and Plant Improvement Journal*, 27(2), 257-273 (In Persian with English Abstract).
- Elakhdar, A., Kumamaru, T., Smith, K.P., Brueggeman, R.S., Capo-chichi, L.J.A. & Solanki, S. (2017). Genotype by environment interactions (GEIs) for barley grain yield under salt stress condition. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 20(3), 193-204.
- Falconer, D.S. (1981). Introduction to quantitative genetics. 2nd Ed. Longman, London, UK.

- Farayedi, Y., Asadi, A.A., Ahak Paz, F., Saeed, A., Kanoni, H. & Nosrati, A.E. (2020). Evaluation of genotype - environment interaction for grain yield of chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.) in cold agro-climate zone of Iran by GGE Biplot method, *Journal of Crop Breeding*, 12(36), 66-76 (In Persian with English Abstract).
- Farshadfar, E., Rashidi, M., Jowkar, M.M. & Zali, H. (2012). GGE Biplot analysis of genotype \times environment interaction in chickpea genotypes. *European Journal of Experimental Biology*, 3(1), 417-423.
- 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 Science*, 11, 1791-1796.
- Gauch, H.G. & Zobel, R.W. (1996). AMMI analysis of yield trials. P. 85-122. In: Kang, M.S., Gauch, H.G. (eds.) Genotype by environment interaction, 1-14 pp., CRC press. Boca Raton.
- Gauch, H.G. (1992). Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier Science Publishers, Amsterdam, the Netherlands.
- Golkari, S., Hagparast, R., Roohi, E., Nazari, H., Ahmadi, M.M., Abedi Asl, G.H. & Babaei, T. (2021). Genotype \times Environment Interactions effects on Grain Yield in Winter Wheat grown under rainfed conditions. *Applied Research in Field Crops*, 34(1), 55-70 (In Persian with English Abstract).
- Jafari, T. & Farshadfar, E. (2018). Stability analysis of bread wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.) by GGE biplot. *Cereal Research*, 8, 199-208 (In Persian with English Abstract).
- Jambhulkar, N.N., Bose L.K. & Singh O.N. (2014). AMMI stability index for stability analysis. In: Mohapatra, T. (Eds.), Central Rice Research Institute, Cuttack, Orissa. 35, 15-15.
- Jamshidi Moghaddam, M. & Pourdad, S. (2012) Evaluation of seed yield adaptability of spring safflower genotypes using nonparametric parameters and GGE biplot method in rain-fed conditions. *Seed and Plant Improvement Journal*, 29(1), 29-41 (In Persian with English Abstract).
- Javidfar, F., Alizadeh, B., Amirioghan, H. & Sabbagnia, N. (2011). A study of genotype by environment interaction in oilseed rape genotypes, using GGE Biplot method. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 41, 771-779 (In Persian with English Abstract).
- Kang, M.S. (1988). A rank-sum method for selecting high yielding, stable corn genotypes. *Cereal Research Communication*, 16, 113-115.
- Kanouni, H., Sadeghzadeh Ahari, D. & Khoshro, H.H. (2018). Chickpea research and production in Iran. 7th International Food Legume Research Conference (IFLRC-VII), At Marrakech, Morocco. Karadavut, U., Palta, C., Kavur maci, Z. & Block, Y. (2010). Some grain yield parameters of multi-environmental trials in faba bean (*Vicia faba*) genotypes. *International Journal of Agricultural Research*, 12(2), 217-220.
- Koochaki, A & Bnayanaval, M. (2008). Cereals cultivation. Publications of University of Mashhad, 205-208 (In Persian with English Summary).
- Karimizadeh, R., Pezeshkpour, P., Mehraban, A., Sharifi, P. & Barzali, M. (2021). Grain yield stability analysis of lentil genotypes by AMMI method indices, *Iranian Journal of Field Crop Science*, 52(4), 197-209 (In Persian with English Abstract).
- Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Sharifi, P., Alt Jafarby, J., Shahbazi Homonlo, K. & Keshavarzi, K. (2020). Grain yield stability of durum wheat genotypes in semi-warm rainfed regions. *Cereal Research*, 10(2), 135-147 (In Persian with English Summary).
- Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Alt Jafarbay, J. & Hosseinpour, T. (2014). Evaluation of grain yield stability of durum wheat genotypes using classical parametric methods, 13th Iranian Conference on Plant Science and Plant Breeding and 3rd Science Conference and Seed Technology of Iran, Karaj.
- Kaya, Y., Akcura, M. & Taner, S. (2006). GGE-bi-plot analysis of multi environment yield trials in bread wheat. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 30, 325-337.
- Kooshki, M.H., Ghaedrahmati, M., Salehi, F., Dorri, H.R., Shobeiri, S.S. & Khorshidi Benam, M.B. (2017). Study of genotype \times environment interaction effect on seed yield of red bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes using AMMI method. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 19(1), 26-39 (In Persian with English Summary).
- Kroonenberg, P.M. (1995). Introduction to biplots for GE tables. Department of Mathematics, Research Report 51. Australia: Univ. of Queensland. 22 p.
- Letta T.D., Egidio, M.G. & Abinasa, M. (2008) Analysis of multi-environment yield trials in durum wheat based on GGE-biplot electronic resource. *Journal of Food, Agriculture and Environment*, 6(2), 217-221.
- Mekbib, F. (2004). Yield stability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Biomedical and Sciences*, 130, 147-153.
- Mohammadi, R. & Amri, A. (2013). Genotype \times environment interaction and genetic improvement for yield and yield stability of rainfed durum wheat in Iran. *Euphytica*, 192(2), 227-249.
- Mohammadi, R., Haghpour, R., Amri, A. & Ceccarelli, S. (2010). Yield stability of rainfed durum wheat and GGE bi-plot analysis of multi-environment trials. *Crop and Pasture Science*, 61, 92-101.
- Mortazavian, S.M., NikKhah, M., Hassani, H.R., Sharif-al-Hosseini, F.A., Taheri, M. & Mahlooji, M.M. (2014). GGE-biplot and AMMI analysis of yield performance of barley genotypes across different environments in Iran. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 16, 609-622 (In Persian with English Summary).
- Olivoto, T. (2019). Metan: multi environment trials analysis. R package version 1.1.0. [https:// github.com/ TiagoOlivoto/metan](https://github.com/TiagoOlivoto/metan) (accessed 24 June 2019).
- Philipo, M., Ndakidemi, P.A. & Mbega, E.R. (2021). Environmentally stable common bean genotypes for production in different agro-ecological zones of Tanzania, *Heliyon*, 7(21), 1-12.
- Pouresmael, M., Kanouni, H., Hajihassani, M., Astraki, H., Mirakhorli, A., Nasrollahi, M. & Mozaffari, J. (2018). Stability of chickpea (*Cicer arietinum* L.) landraces in national plant gene bank of Iran for drylands. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 20, 387-400.
- Purchase, J. L., Hatting, H. & Van Deventer, C. S. (2000). Genotype \times environment interaction of winter wheat in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. *South Africa journal of plant and soil*, 17(3), 101-107.
- Rabiei, M. & Khodambashi, M. (2020). Assessment of yield stability in common bean cultivars based on univariate and multivariate methods. *Journal of Crop Production and Processing*, 9(4), 33-45 (In Persian with English Summary).

- Rahmati, H., Nakhzari Moghaddam, A., Rahemi Karizaki, A. & Orsaji, Z. (2021). Evaluation of grain yield stability in advanced genotypes of durum wheat (*Triticum turgidum* var. Durum) using parametric and non-parametric methods of stability analysis. *Journal of Crop Breeding*, 13(37), 63-74 (In Persian).
- Raju B.M.K. (2002). A study on AMMI model and its biplots. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*, 55, 297-322.
- Rao A.R., & Prabhakaran V.T. (2005). Use of AMMI in simultaneous selection of genotypes for yield and stability. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*, 59, 76-82.
- Roustaie, M., Sadeghzadeh Ahari, D., Hesami, A., Soleymani, K., Pashapour, H., Nader-Mahmoudi, K., Pour Siahbidi, M.M., Ahmadi, M., Hassanpour Hosni, M. & Abedi-Asl, M. (2003). Study of adaptability and stability of grain yield of bread wheat genotypes in cold and moderate-cold dry land areas. *Seed and Plant Improvement Journal*, 19(2), 263-275. (In Persian with English Summary).
- Sabaghnia, N., Dehghani, H. & Sabaghpour, S.H. (2008). Graphic analysis of genotype and environment interaction for lentil (*Lens culinaris* Medik) yield in Iran. *Agronomy Journal*, 100, 760-764.
- Samonte, S. O. P., Wilson, L. T., Mc-Clung, A. M. & Medley, J. C. (2005). Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE bi-plot analyses. *Crop Science*, 45, 2414-2424.
- Scapim, C. A., Oliveira, V. R., Braccini, A. L., Cruz, C. D., Andrade, C. A. B. & Vidigal, C. G. M. (2000). Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. *Genetics and Molecular Biology*, 23(2), 387-393.
- Sharifi, P. (2020). Application of multivariate analysis methods in agricultural sciences. Rasht Branch, Islamic Azad University press. 308 p (In Persian with English Summary).
- Sneller, C.H., Kilgore-norquest, L. & Dombek, D. (1997). Repeatability of yield stability statistics in soybean. *Crop Science*, 7, 383-390.
- Yan, W., Fregeau-Reid, J. A., Pageau, D., Martin, R. A., Mitchell fetch, J. W., Etienne, M., Rowsell, J., Scott, P., Price, M., De Haan, B., Cummiskey, A., Lajeunesse, J., Durand, J. & Sperry, E. (2010). Identifying essential test locations for oat breeding in eastern Canada. *Crop Science*, 50, 504-515.
- Yan, W. & Tinker, N.A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86, 623-645.
- Yan, W. & Kang, M.S. (2003). GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, Geneticists and Agronomists. 1st Edn, CRC Press LLC., Boca Raton, Florida, 271 p.
- Yan, W. & Hunt, L.A. (2003). Biplot analysis of multi-environment trial data. p. 289-303. In: Kang, M.S. (ed.) Quantitative Genetics, Genomics, and Plant Breeding, CAB International, Wallingford, Oxon, UK.
- Yan, W. & Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42(1), 11-20.
- 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, 3126-3136.
- Zali, H., Sabaghpour, S., Farshadfar, E., Pezeshkpour, P., Safikhani, M., Sarparast, R. & Hashembeigi, A. (2007). Stability analysis of yield in chickpea genotypes by additive main effects and multiplicative interaction (AMMI). *J. Crop Prod. Process*, 11(42), 173-180 (In Persian with English abstract).
- Zhang, Z., Lu, C., & Xiang, Z. (1998). Analysis of variety stability based on AMMI model. *Acta Agronomica Sinica*, 24, 304-309.
- Zobel, R.W., Wright, A.J. & Gauch, H.G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80, 388-393.
- Zubair, M. & Ghafoor, A. (2001). Genotype environment interaction in mungbean. *Pakistan Journal of Botany*, 33, 187-190.