



## مقدمه

برنج به‌عنوان دومین محصول زراعی مهم پس از گندم، با سطح زیر کشت ۵۸۰ هزار هکتار، سطح گسترده‌ای از زمین‌های کشاورزی کشور را به خود اختصاص داده است (Ahmadi et al., 2019). عملکرد، صفت کمی پیچیده‌ای است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌گردد و شدیداً تحت تأثیر محیط قرار دارد و همچنین صفات بسیاری به‌تنهایی یا با هم بر آن اثر می‌گذارند. بنابراین انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب تنها بر اساس عملکرد سودمند نیست و چنانچه انتخاب بر اساس سایر صفات تأثیرگذار بر آن انجام شود، بسیار مفیدتر خواهد بود (Sharifi et al., 2017). وجود برهمکنش ژنوتیپ در محیط در آزمایش‌های ناحیه‌ای بسیاری از گیاهان زراعی نشان می‌دهد که پایداری عملکرد همراه با میانگین عملکرد بالا باید به‌عنوان یک جنبه مهم آزمایش‌های مقایسه عملکرد در نظر گرفته شود، زیرا برهمکنش ژنوتیپ در محیط، می‌تواند هرگونه پیشرفت ناشی از گزینش را کاهش دهد (Sharifi, 2020b).

پژوهشگران روش‌های زیادی برای تجزیه پایداری ارائه داده‌اند که به دو دسته کلی پارامتری (تک‌متغیره یا چندمتغیره) و ناپارامتری تقسیم می‌شوند (Sharifi, 2020a). در بین روش‌های چندمتغیره می‌توان روش اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر<sup>۱</sup> (Gauch and Zobel, 1997) و GGE<sup>۲</sup> بای‌پلات (Yan et al., 2000) را نام برد. در تجزیه AMMI که حاصل تجزیه ارزش منفرد (SVD)<sup>۳</sup> بخش غیرافزایشی برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI)<sup>۴</sup> است، ممکن است بخشی از تنوع در مؤلفه‌های اصلی آخر به‌عنوان نویز باقی بماند که در تجزیه‌ها به‌کار گرفته نمی‌شود (Sharifi, 2020a). دلایل کاربرد گسترده روش AMMI، علاوه بر ارائه ابزارهای گرافیکی مناسب برای تفسیر آسان

GEI، تخمین‌های دقیق‌تری است که از ارزش‌های ژنوتیپی در مقایسه با ANOVA معمولی ارائه می‌دهد (Van Eeuwijk et al., 2016). اخیراً، روش بهترین پیش‌بینی‌های ن‌آریب خطی (BLUP)<sup>۵</sup> که میانگین‌ها را با دقت بالا، به‌ویژه در مدل‌های مختلط، تخمین می‌زند، نیز برای ارزیابی داده‌های آزمایش‌های چندمحیطی (MET)<sup>۶</sup> به‌کار گرفته شده است (Olivoto et al., 2019b). در حال حاضر، پژوهش‌های اندکی در رابطه با تخمین ارزش‌های ژنوتیپی در آزمایش‌های چندمحیطی با BLUP گزارش شده است (Donoso-Nanculao et al., 2016; Nardino et al., 2016; Olivoto et al., 2017)، اما مدل‌سازی الگوهای برهمکنش ژنوتیپ در محیط بیشتر با روش‌های تجزیه GGE بای‌پلات و AMMI انجام شده است (Samonte et al., 2005; Akter et al., 2014; Bose et al., 2014a,b; Sharifi et al., 2017; Sadimantara et al., 2018; Rahayu, 2020). در روش ارائه شده توسط اولیوتو و همکاران (Olivoto et al., 2019a)، برای بهره‌گیری از مزایای دو روش AMMI و BLUP، با مدل اثرهای مختلط خطی<sup>۷</sup>، یک ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط به‌دست می‌آید و از تجزیه این ماتریس با روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی یا تجزیه ارزش منفرد، یک معیار پایداری ژنوتیپی به نام شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق بهترین پیش‌بینی‌های ن‌آریب خطی (WAASB)<sup>۸</sup> معرفی شد که حاصل تلفیق دو روش AMMI و BLUP است (Olivoto et al., 2019a). از طرفی، آنچه امروزه پژوهشگران در به‌نژادی گیاهان زراعی به دنبال آن هستند، تلفیق پایداری با عملکرد برای دستیابی به ژنوتیپ‌های پایدار و دارای عملکرد بالا است که در آن تلاش می‌شود، هر دو صفت عملکرد و پایداری هم‌زمان در نظر گرفته شوند تا علاوه بر کاهش برهمکنش ژنوتیپ در محیط، ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا انتخاب شوند.

- 1- Additive main effect and multiplicative interaction (AMMI)
- 2- Genotype + genotype × environment
- 3- Singular value decomposition (SVD)
- 4- Genotype × environment interaction (GEI)
- 5- Best linear unbiased predictors (BLUPs)
- 6- Multi-environment trials (MET)
- 7- linear mixed-effects models (LMM)
- 8- WAASB [Weighted average of absolute scores of best linear unbiased predictions (BLUP)]

مصرفی در زمین اصلی ۲۵۰ کیلوگرم اوره به‌همراه ۱۰۰ کیلوگرم فسفات آمونیوم بود که نصف کود اوره و همه فسفات آمونیوم در زمان آخرین شخم و مقدار باقیمانده اوره در هنگام تشکیل اولین جوانه خوشه مصرف شد. در طول فصل رشد علاوه بر مراقبت‌های زراعی، یادداشت‌برداری‌های لازم از ارتفاع بوته، تعداد پنجه، تعداد دانه پر، تعداد کل دانه، وزن هزار دانه و طول خوشه انجام شد. برای محاسبه عملکرد دانه با حذف حاشیه، برداشت محصول از مساحتی معادل ۱۵ مترمربع انجام شد و سپس عملکرد شلتوک برحسب کیلوگرم در هکتار با رطوبت ۱۴ درصد محاسبه شد.

**تجزیه آماری:** تمام تجزیه‌های آماری با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی با نام *metan Ver. 1.9.0* (Olivoto and ) (Multi environment trial analysis) (Lúcio, 2020) در محیط نرم‌افزار R انجام شد.

**مفاهیم اساسی AMMI و BLUP:** در مجموعه‌ای از آزمایش‌های چندمحیطی که  $g$  ژنوتیپ در  $e$  محیط آزمایشی با  $r$  تکرار بررسی می‌شوند، در هنگام وجود برهمکنش ژنوتیپ در محیط، می‌توان با تجزیه AMMI، تخمین دقیق‌تری از متغیر پاسخ در ژنوتیپ  $i$  ام و محیط  $j$  ام ( $y_{ij}$ ) به‌دست آورد. برای این کار، میانگین پاسخ هر کدام از ژنوتیپ‌ها در  $r$  تکرار درون هر محیط محاسبه می‌شود و در گام اول، اثرات افزایشی ژنوتیپ ( $\alpha_i$ ) و محیط ( $\tau_j$ ) با روش‌های استاندارد ANOVA برآورد می‌شود؛ سپس در گام دوم، ماتریس اثرات غیرافزایشی<sup>۳</sup> یا باقیمانده<sup>۴</sup> با رابطه ۱ تخمین زده می‌شود (Gauch, 1988):

$$y_{ij} - \mu - \alpha_i - \tau_j = \sum_{k=1}^P \lambda_k a_{ik} t_{jk} \quad (1) \text{ رابطه}$$

که در آن،  $\lambda_k$  مقدار ویژه یا ریشه مشخصه برای  $k$  امین محور مؤلفه اصلی (IPCA)؛  $\alpha_{ik}$  بردار مشخصه<sup>۵</sup> برای  $k$  امین محور و  $t_{jk}$  بردار مشخصه محیط  $j$  ام برای محور  $k$  ام است. مقدار باقیمانده،  $p_{ij}$ ، در صورتی باقی می‌ماند که تمام  $p$  مؤلفه اصلی برهمکنش‌ها (pIPCA) در تجزیه استفاده نشود.

اولیوتو و همکاران (Olivoto et al., 2019b)، معیار میانگین وزنی شاخص پایداری WAASB و متغیر وابسته (WAASBY)<sup>۱</sup> را معرفی کردند که گزینش ژنوتیپ‌ها را برای میانگین عملکرد دانه و پایداری عملکرد دانه، به‌طور هم‌زمان انجام می‌دهد و در آن، بسته به هدف به‌نژادگر می‌توان وزن‌های متفاوتی به هر کدام از دو شاخص میانگین عملکرد یا پایداری داد.

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، اولیوتو و همکاران (Olivoto et al., 2019a)، شاخصی با نام شاخص پایداری چندصفتی (MTSI)<sup>۲</sup> را بر مبنای تجزیه عاملی معرفی کردند که در آن عملکرد دانه و همه صفات اندازه‌گیری شده‌ی دیگر و پایداری هر کدام از آن‌ها به‌طور هم‌زمان ارزیابی می‌شوند. هدف از پژوهش حاضر، تعیین لاین یا لاین‌های پایدار با عملکرد بالا و مطلوب از نظر صفات حائز اهمیت در لاین‌های امیدبخش برنج، با بهره‌گیری از ترکیب دو روش AMMI و BLUP با شاخص‌های WAASB، WAASBY و MTSI بود. از دیگر اهداف پژوهش حاضر، ارزیابی کارایی مدل‌های استفاده شده در تجزیه پایداری بود.

### مواد و روش‌ها

در این پژوهش، ۷ لاین امیدبخش منتخب برنج، با دارا بودن ویژگی‌های مطلوب زراعی که از آزمایش مقایسه عملکرد مقدماتی سال زراعی ۱۳۸۹-۱۳۹۰ انتخاب شده بودند، به‌همراه ارقام ۸۴۳ و شیروودی به‌عنوان شاهد (در مجموع، ۹ ژنوتیپ) در سه منطقه تنکابن، آمل و ساری در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار طی سه فصل زراعی ۹۳-۱۳۹۰ ارزیابی شدند (جدول ۱).

مساحت هر کرت ۲۰ مترمربع بود و نشاکاری با فاصله ۲۵ × ۲۵ سانتی‌متر در مرحله ۵-۴ برگی انجام شد. میزان کود

1- Weighted average of WAASB and response variable (WAASBY)  
2- Multi-trait stability index (MTSI)  
3- Nonadditive  
4- Residual  
5- Eigenvector

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه

Table 1. Characteristics of studied rice genotypes

شماره ژنوتیپ	شجره/رقم	منشأ
Genotype code	Pedigree/Cultivar	Origin
G1	[Shiroudi × Khazar (1001)]10	Iran
G2	[IR 64669-153-2-3-(A8948) × (4 Surinam × Deylamani)]2	Iran
G3	[IR 67015-22-6-2-(A37632) × (Amol3 × Ramzanalitarom)]47	Iran
G4	[IR 67015-22-6-2-(A37632) × (Amol3 × Ramzanalitarom)]107	Iran
G5	[IR 67015-22-6-2-(A37632) × (Amol3 × Ramzanalitarom)]121	Iran
G6	[IR 67015-22-6-2-(A37632) × (Amol3 × Ramzanalitarom)]126	Iran
G7	[IR 67015-22-6-2-(A37632) × (Amol3 × Ramzanalitarom)]39	Iran
G8	843 (check variety)	Iran
G9	Shiroudi (check variety)	Iran

مشخصه کاسته می‌شود. ماتریس‌های  $U_{gp}$  و  $V_{ep}$  به ترتیب ماتریس‌های اورتوگونال<sup>۱</sup> با بردارهای منفرد ژنوتیپی از  $\hat{u}^T \hat{u}$  و بردارهای منفرد محیطی از  $\hat{u}^T \hat{u}$  هستند.

بنابراین تا اینجا، تجزیه AMMI (بر اساس روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی یا تجزیه مقادیر منفرد) بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نأاریب خطی (BLUPها) از برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط (GEI) حاصل از یک مدل اثر مختلط خطی (LMM) انجام شده است و به بیانی دیگر، بخشی از مزیت‌های دو روش AMMI و BLUP با یکدیگر ترکیب شده‌اند. در ادامه، پارامتر پایداری WAASB و شاخص WAASBY (برای انتخاب هم‌زمان بر اساس میانگین عملکرد و پایداری) با روابط در پی آمده بر روی ریشه‌های مشخصه حاصل از تجزیه AMMI بر روی BLUP انجام شد و بهترین ژنوتیپ‌ها گزینش شدند.

پایداری ژنوتیپی برای هر ژنوتیپ با میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB)، از تجزیه مقادیر منفرد (SVD) ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نأاریب خطی (BLUP) از اثرات GEI که با یک مدل اثر مختلط خطی ایجاد شده بود، با رابطه ۳ کمی شد (Olivoto et al., 2019b):

$$WAASB_i = \frac{\sum_{k=1}^p |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k} \quad \text{رابطه (۳)}$$

که در آن،  $WAASB_i$ ، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ  $i$ ؛  $IPCA_{ik}$ ، نمره ژنوتیپ  $i$  در  $k$ مین محور مؤلفه اصلی

در ادامه تجزیه AMMI، نمرات ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها برای کشیدن نمودارهای بای‌پلات به کار گرفته می‌شوند (Kempton, 1984) که اجازه تفسیر گرافیکی برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI) را فراهم می‌آورد.

پایداری ژنتیکی مبتنی بر بهترین پیش‌بینی نأاریب خطی (BLUP): در روش ارائه شده به وسیله اولیوتو و همکاران (Olivoto et al., 2019b) که ترکیبی از تجزیه AMMI و BLUP است، برای تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی، از تجزیه مقادیر منفرد (SVD) که اساس تجزیه AMMI است، بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نأاریب خطی (BLUPها) برهمکنش‌های ژنوتیپ در محیط (GEI) با یک مدل اثر مختلط خطی (LMM) استفاده شد. اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده<sup>۱</sup> (REML) برآورد شدند و برای ارزیابی معنی‌داری اثرهای تصادفی از آزمون نسبت درست‌نمایی<sup>۲</sup> (LRT) استفاده شد (Olivoto et al., 2019b).

ماتریس  $\hat{u}_{ge}$  اثرات کوچک شده برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI) حاصل از BLUP است که با رابطه ۲ به اجزایش تجزیه می‌شود (Olivoto et al., 2019b):

$$\hat{u}_{ge} = U_{gp} \Lambda_{pp} V_{ep}^T \quad \text{رابطه (۲)}$$

که در آن،  $\Lambda_{pp}$ ، یک ماتریس مورب یا قطری<sup>۳</sup> با  $p$  مقدار منفرد یا ریشه مشخصه به ترتیب کاهش یافته است، یعنی از اولین مؤلفه اصلی به مؤلفه‌های بعدی از مقدار این ریشه

1- Restricted maximum likelihood  
2- Likelihood ratio tests  
3- Diagonal matrix  
4- Orthonormal

برای همه متغیرهای بررسی شده ارائه می‌دهد. دیفرانسیل یا تفاوت انتخاب<sup>۳</sup> برای میانگین عملکرد و WAASB (شاخص WAASBY) برای هر صفت با شدت انتخاب ۱۵ درصد محاسبه شد (Olivoto et al., 2019b).

جنبه دیگری از تلفیق دو روش AMMI و BLUP، بهره‌گیری از ابزارهای گرافیکی تجزیه AMMI در شاخص‌های برآورد شده است. به طوری که برای کمک به تفسیر چشمی، گراف‌هایی برای نشان دادن میانگین متغیر پاسخ در برابر WAASB ایجاد شدند. همچنین نموداری برای سنجش و گزینش ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص MTSI فراهم شد (Olivoto et al., 2019b).

### نتایج و بحث

ارزیابی فاکتورهای تصادفی و ثابت، برآورد اجزای واریانس و تخمین میانگین‌های پیش‌بینی شده: از آزمون اسکریت<sup>۴</sup> برای شناساندن بهترین تعداد مؤلفه‌های توجیه‌کننده برهمکنش‌ها استفاده شد که نشان داد با آنکه تا مؤلفه اصلی پنجم، هر کدام از مؤلفه‌ها تقریباً سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ژنوتیپ در محیط حاصل از BLUP را برای عملکرد دانه داشتند (شکل ۱)، اما فقط اثر دو مؤلفه اصلی اول معنی‌دار بود، به طوری که این دو مؤلفه به ترتیب ۴/۸ و ۲۲/۵ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه کردند. معنی‌دار بودن اثر مؤلفه‌های اصلی با آزمون F انجام شد.

آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) نشان داد که اثر محیط بر تعداد پنجه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه، طول خوشه، تعداد دانه پر و تعداد کل دانه معنی‌دار بود. همچنین برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه، تعداد پنجه، وزن هزار دانه و طول خوشه معنی‌دار بود (جدول ۲). ارزیابی نسبت اجزای واریانس برآورد شده به روش درست‌نمایی محدود شده (REML) به واریانس فنوتیپی نشان داد که برای عملکرد دانه، ۵۴ درصد از واریانس فنوتیپی به وسیله واریانس باقیمانده توجیه می‌شد، در حالی که واریانس برهمکنش ژنوتیپ در محیط، ۱۸ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه کرد (جدول ۲).

برهمکنش (IPCA)؛ و EP<sub>k</sub>، مقدار واریانس توجیه شده توسط k<sup>امین</sup> IPCA است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAASB پایدار در نظر گرفته می‌شود (Olivoto et al., 2019b).

### انتخاب هم‌زمان برای عملکرد و پایداری

انتخاب هم‌زمان برای میانگین عملکرد و پایداری (MPS)<sup>۱</sup> با شاخص WAASBY انجام شد که در آن به میانگین عملکرد (Y) و شاخص پایداری (WAASB) با رابطه ۴ وزن داده می‌شود (Olivoto et al., 2019b):

$$\text{رابطه (۴)} \quad \text{WAASBY}_i = \frac{\left\{ W_y \times \left[ \frac{GY_i}{GY_{\max}} \times 100 \right] \right\} + \left\{ W_s \times \left( 100 - \frac{\text{WAASB}_i}{\text{WAASB}_{\min}} \right) \right\}}{W_y + W_s}$$

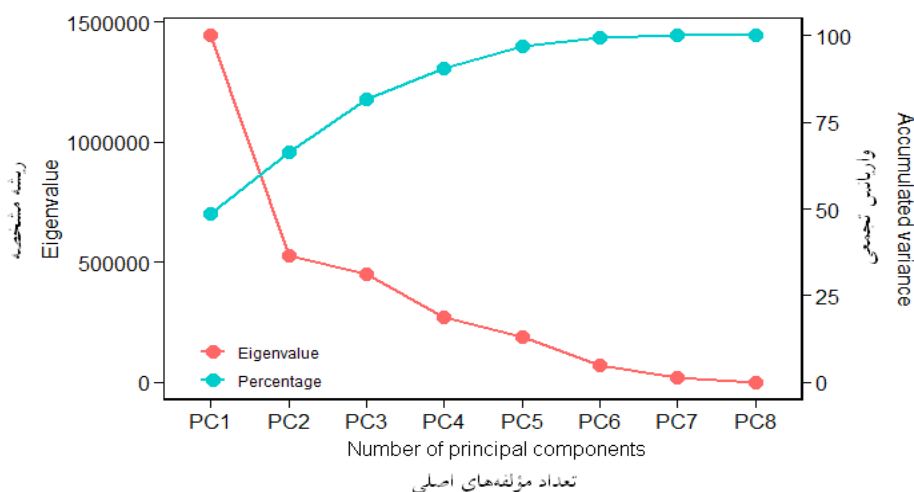
که در آن WAASBY<sub>i</sub>، میانگین وزنی پایداری (WAASB) و عملکرد دانه (GY) برای ژنوتیپ i<sup>ام</sup>؛ W<sub>y</sub>، وزن داده شده به متغیر پاسخ (در این مورد، عملکرد دانه)؛ GY<sub>i</sub>، میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ i<sup>ام</sup> با توجه به تمام محیط‌ها؛ GY<sub>max</sub>، بالاترین متوسط عملکرد دانه مشاهده شده؛ W<sub>s</sub>، وزن نسبت داده شده به شاخص پایداری (در این مورد، شاخص WAASB)؛ WAASB<sub>i</sub>، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ i<sup>ام</sup>؛ و WAASB<sub>min</sub>، کمترین مقدار WAASB مشاهده شده در بین ژنوتیپ‌ها است.

شاخص پایداری چندصفتی بر اساس تجزیه عاملی<sup>۲</sup>: انتخاب هم‌زمان برای میانگین عملکرد و پایداری بر اساس چند صفت با استفاده از نمرات به دست آمده از یک تجزیه عاملی اکتشافی انجام شد. تخمین شاخص پایداری چندصفتی (MTSI)، بر طبق معادله ۵ انجام شد (Olivoto et al., 2019a):

$$\text{رابطه (۵)} \quad \text{MTSI}_i = \left[ \sum_{j=1}^f (F_{ij} - F_j)^2 \right]^{0.5}$$

که در آن، MTSI، شاخص پایداری چندصفتی برای ژنوتیپ i<sup>ام</sup>؛ F<sub>ij</sub>، نمره i<sup>ام</sup> ژنوتیپ j<sup>ام</sup>؛ و F<sub>j</sub>، نمره i<sup>ام</sup> ژنوتیپ ایده‌آل است. ژنوتیپ با کمترین مقدار MTSI، به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است و بنابراین میانگین عملکرد و پایداری (MPS) بالایی را

1- Mean performance and stability, MPS  
2- Multi-trait stability index based on factor analysis  
3- Selection Differential  
4- Sreest test



شکل ۱- مقادیر ویژه ماتریس BLUP\_GEI برای عملکرد دانه

Figure 1. Eigenvalues of the BLUP\_GEI matrix for grain yield

در منطقه آزمایشی و کاربرد یکنواخت مدیریت زراعی)، افزایش تعداد تکرارها (با استفاده از طرح‌های مناسب همچون طرح‌های چندعاملی) و استفاده از مدل‌های آماری با توانایی پیش‌بینی بهتر هستند (Gauch and Zobel, 1988; Olivoto *et al.*, 2019b). مدل آماری BLUP، راهکاری برای توانایی پیش‌بینی بهتر است که در آن بهترین پیش‌بینی‌های نأریب خطی بر روی ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط تخمین زده می‌شود و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این پیش‌بینی‌ها انجام می‌شود (Olivoto *et al.*, 2019a). از مزیت‌های روش BLUP، این است که میانگین‌ها را با دقت بالا به‌ویژه در مدل‌های مختلط تخمین می‌زند. همچنین در هنگام وجود اثر مختلط خطی، این روش پتانسیل پیش‌بینی دقیق اثرات تصادفی را فراهم می‌کند (Smith *et al.*, 2005).

مقایسه میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP نشان داد که ژنوتیپ‌های ۷، ۸، ۹ و ۶ با توجه به داشتن بیشترین میانگین پیش‌بینی شده برتری ویژه‌ای نسبت به ژنوتیپ‌های دیگر داشتند (شکل ۲). این چهار ژنوتیپ، با توجه به عدم همپوشانی میله‌های خطای افقی آن‌ها با ژنوتیپ‌های ۴ و ۳، اختلاف معنی‌داری با آن‌ها داشتند، اما اختلاف معنی‌داری با دیگر ژنوتیپ‌ها از نظر میانگین‌های پیش‌بینی شده برای عملکرد دانه نداشتند.

اثر معنی‌دار برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI) نشان داد که بیان فنوتیپی یک ژنوتیپ ممکن است در یک محیط بیشتر و در محیطی دیگر کمتر باشد، بنابراین، تجزیه BLUP برای چنین داده‌هایی مناسب است (Olivoto *et al.*, 2019b). از این رو اقدام به برآورد بهترین پیش‌بینی‌های نأریب خطی (BLUPها) گردید و تجزیه پایداری به روش AMMI بر روی این BLUPها انجام شد. پژوهشگران دیگری نیز برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط را بر عملکرد دانه و اجزای آن در برنج با تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات گزارش کرده بودند (Samonte *et al.*, 2005; Bose *et al.*, 2014a,b; Sharifi *et al.*, 2017). از آنجا که بسیاری از تلاش‌ها در مراحل آخر برنامه‌های به‌نژادی بر آزمایش‌های چندمحیطی استوار هستند، دقت پیش‌بینی، یعنی اینکه مقدار پیش‌بینی شده چقدر با مقدار مشاهده شده به هم نزدیک هستند، برای گزینش موفقیت‌آمیز ژنوتیپ‌ها، توصیه ارقام و مشخص کردن ابرمحیط‌ها<sup>۱</sup> بسیار مهم است (Olivoto *et al.*, 2019b). تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط‌ها نشان داد که در هفت محیط (۷۷ درصد)، اثر ژنوتیپ بر عملکرد دانه معنی‌دار بود (داده‌ها ارائه نشده‌اند).

سه گزینه اصلی برای افزایش دقت پیش‌بینی در آزمایش‌های چندمحیطی، بهبود تکنیک‌های آزمایشی (همچون بهره‌گیری از طرح‌هایی با اندازه و شکل ایده‌آل، پیاده کردن درست طرح‌ها

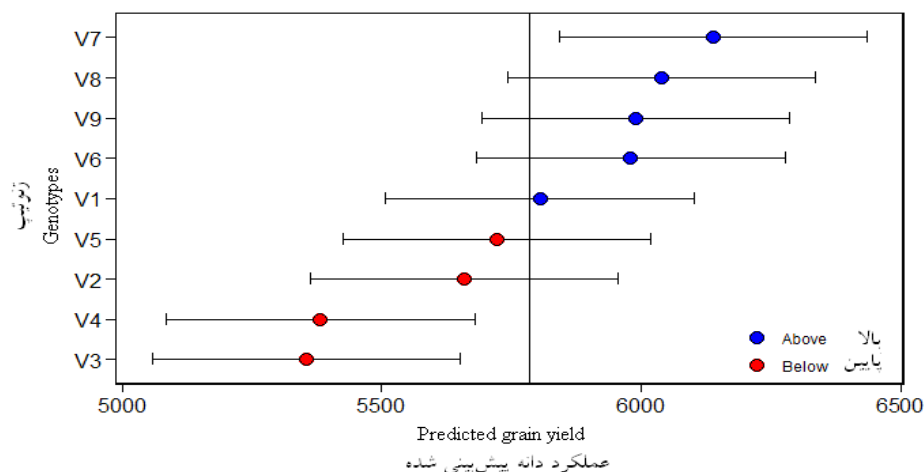
جدول ۲- ارزیابی معنی‌داری فاکتورها در مدل مختلط برای اثرهای تصادفی با آزمون نسبت درست‌نمایی و برای اثر ثابت ژنوتیپ با تجزیه واریانس و برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده برای صفات مطالعه شده

Table 2. Evaluation significance of factors for random effects by LRT ( $\chi^2$ ) and for fixed effects by ANOVA and estimation of variance components by REML for stued traits

منابع تغییرات SOV	عملکرد دانه Grain yield	تعداد پنجه Number of tillers	ارتفاع بوته Plant height	وزن هزار دانه Thousand grains weight	طول خوشه Panicle length	تعداد دانه پر Number of filled grains	تعداد کل دانه Total number of grains
G	میانگین مربعات ژنوتیپ در تجزیه واریانس MSG						
	1568219**	36.23**	69.88**	6.98**	10.26**	6831**	11591**
مدل Model	آزمون نسبت درست‌نمایی LRT ( $\chi^2$ )						
محیط Environment	3.558ns	8.98**	13.86**	12.31**	20.62**	9.73**	7.84**
ژنوتیپ در محیط Genotyp $\times$ environment	11.54*	3.89*	50.86**	26.77**	6.27*	0.13ns	0.12ns
پارامترهای برآورد شده به روش درست‌نمایی محدود شده REML $\ddagger$	اجزای واریانس Variance components برآوردها (%) Estimates (%)						
واریانس محیطی $\sigma^2E$	71811 (14.43)	1.43 (29.23)	34.69 (42.13)	0.82 (25.32)	1.99 (49.72)	46.92 (21.56)	111.6 (22.51)
واریانس محیط/بلوک $\sigma^2E/R$	6554 (13.17)	0.63 (13.03)	10.52 (12.78)	0.13 (4.23)	0.29 (7.27)	10.60 (4.87)	47.35 (9.55)
واریانس ژنوتیپ $\times$ محیط $\sigma^2i$	90471 (18.18%)	0.40 (8.33)	19.19 (23.30)	0.87 (26.90)	0.31 (7.92)	4.13 (1.90)	8.56 (1.72)
واریانس مقادیر باقیمانده $\sigma^2e$	269854 (54.22)	2.41 (49.40)	17.94 (21.79)	1.42 (43.54)	1.40 (35.09)	155.9 (71.66)	328.3 (66.21)
واریانس فنوتیپی $\sigma^2P$	497682	4.89	82.34	3.26	4.00	217.6	495.8

ns, \* و \*\*: غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

ns, \* and \*\*: Non-significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively



شکل ۲- عملکرد دانه پیش‌بینی شده (بهترین پیش‌بینی ناآریب خطی، BLUP) برای نه ژنوتیپ برنج

Figure 2. Predicted grain yield (best linear unbiased prediction, BLUP) for nine rice genotypes

دایره‌های آبی و قرمز به ترتیب ژنوتیپ‌هایی را نشان می‌دهند که دارای BLUP بالاتر و پایین‌تر از میانگین BLUP بودند. میله‌های خطای افقی نشانگر فاصله اطمینان ۹۵ درصد از پیش‌بینی با آزمون t دو طرفه است.

Blue and red circles represent the genotypes that had BLUP above and below of BLUP means, respectively. Horizontal error bars represent the 95% confidence interval of prediction considering a two-tailed t test.

معرفی می‌شوند که برای مثال ژنوتیپ ۷ مناسب‌ترین ژنوتیپ برای محیط ۹ بود. باید به این نکته توجه شود که رسم این نمودار بر اساس اولین مؤلفه اصلی است که فقط ۴/۸ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کند. از این رو، تجزیه‌های تکمیلی بر اساس سایر شاخص‌ها ارائه شده است که در برآورد آن‌ها از نمره‌های تمام مؤلفه‌ها بهره گرفته شده است.

پژوهشگران دیگری نیز از روش بای‌پلات "کدام-برنده-کجا" برای شناسایی ژنوتیپ‌های با پایداری عمومی و یا سازگار به محیط‌های ویژه، با روش GGE بای‌پلات (Donoso-*Nanculao et al.*, 2016) یا بای‌پلات مبتنی بر دو مؤلفه اصلی اول در روش AMMI (AMMI2 biplot) استفاده کردند (Samonte *et al.*, 2005; Akter *et al.*, 2014; Sharifi *et al.*, 2017). از نظر یک به‌نژادگر که علاقه‌مند به بهره‌گیری از ژنوتیپ‌های مطلوب برای محیط‌های ویژه‌ای است، تفسیر نمودار عملکرد اسمی (شکل ۳) ممکن است توصیه ژنوتیپ‌های هدفمند را برای محیط‌های ویژه آسان کند. از این رو، این نمودار بای‌پلات می‌تواند برای سازگاری‌های خصوصی ژنوتیپ‌ها به محیط‌های ویژه به‌کار گرفته شود. این تفسیر از آنجا مهم است که در بیشتر موارد، هیچ ژنوتیپی در همه‌جا و همیشه برتر نیست و نیاز است ژنوتیپ‌هایی با سازگاری خصوصی با هر محیط معرفی شوند (Olivoto *et al.*, 2019b).

بای‌پلات نوع سوم (عملکرد دانه در برابر میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB)) به چهار ناحیه یا چارک<sup>۳</sup> تقسیم شد (شکل ۴) که در آن تفسیر هم‌زمان برای میانگین عملکرد دانه و پایداری با شاخص WAASB انجام می‌شود. ژنوتیپ‌ها یا محیط‌های واقع در چارک اول (ربع I) با توجه به سهم زیادشان در برهمکنش ژنوتیپ در محیط، ژنوتیپ‌های ناپایدار یا محیط‌هایی با توانایی شناسایی بالا و دارای عملکرد کمتر از متوسط کل هستند (Olivoto *et al.*, 2019b).

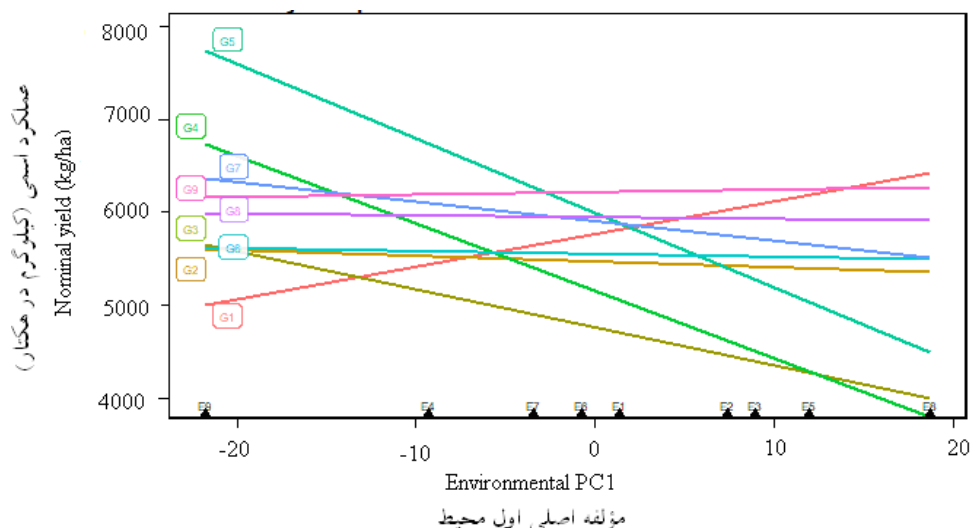
**تفسیر بای‌پلات:** بای‌پلات اولین مؤلفه اصلی محیط در برابر عملکرد اسمی<sup>۱</sup>، شکل دیگری از بای‌پلات چندضلعی یا "کدام-برنده-کجا"<sup>۲</sup> (Olivoto *et al.*, 2019b) است که در محور X آن، نمره اولین مؤلفه اصلی محیط و در محور Y، عملکرد اسمی ژنوتیپ‌ها جای گرفته است (شکل ۳).

در این نمودار، برای هر کدام از ژنوتیپ‌ها، می‌توان یک خط با معادله  $y=a+bx$  نوشت که در آن x، نمره محور مؤلفه اصلی اول (IPCA1) محیطی؛ a، میانگین کل هر ژنوتیپ و b، اولین مؤلفه اصلی (IPCA1) هر ژنوتیپ است. ژنوتیپ‌های ۶، ۷ و ۲ با توجه به کمترین نمره‌های مؤلفه اصلی اول (ضرایب b یا شیب‌خط)، سهم ناچیزی در برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشتند و بنابراین از پایداری بیشتری برخوردار بودند، حال آنکه ژنوتیپ‌های ۵، ۳، ۴ و ۱ در محیط‌های مختلف، عملکرد متفاوتی داشتند و ناپایدار بودند. ژنوتیپ‌های ۹ و ۸ با توجه به میانگین عملکرد دانه‌ی بالا در تمام محیط‌ها، عملکرد اسمی بیشتری نیز بر اساس پیش‌بینی با BLUP داشتند. با توجه به نمره هر ژنوتیپ در اولین محور مؤلفه اصلی (IPCA1) یا همان ضریب b، ژنوتیپ‌های ۹، ۸ و ۶ به دلیل داشتن شیب‌خط کمتر، جزء ژنوتیپ‌های پایدار و به دلیل داشتن عملکرد اسمی بیشتر، از برترین ژنوتیپ‌ها بودند. بررسی هم‌زمان این نمودار با شکل ۲ (پیش‌بینی عملکرد با BLUP) نشان می‌دهد که این سه ژنوتیپ بالاترین میانگین پیش‌بینی شده را داشتند. از طرف دیگر ژنوتیپ‌های ۵ و ۲ با آنکه میانگین پیش‌بینی شده مشابهی داشتند (شکل ۲)، اما الگوی خط آن‌ها (شکل ۳) کاملاً متفاوت بود. دلیل آن این است که نمره IPCA1 ژنوتیپ ۵ برابر با ۳۰/۵۸- و برای ژنوتیپ ۲ برابر با ۲/۶۹ بود که نشان‌دهنده ناپایداری ژنوتیپ ۵ و پایداری ژنوتیپ ۲ است. از مقایسه این دو شکل همچنین دیده شد که ژنوتیپ ۷ با وجود آنکه، بیشترین میانگین پیش‌بینی شده را داشت (شکل ۲)، اما معادله خط آن دارای شیب نزولی در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌های پایدار بود.

از دیگر کاربردهای این نمودار، ارزیابی سازگاری خصوصی است که طی آن ژنوتیپ‌های مطلوب برای هر کدام از محیط‌ها

1- Nominal yield  
2- Which-won-were  
3- Quadrant





شکل ۳- نمودار عملکرد اسمی دانه برای نه ژنوتیپ برنج به‌عنوان تابعی از نمرات اولین محور مؤلفه اصلی محیطی برهمکنش (IPCA1)  
Figure 3. Nominal grain yield plot for nine rice genotypes as a function of the environment scores of the first interaction principal component axis (IPCA1)

ژنوتیپ ۷، در مقایسه با سه ژنوتیپ دیگر، با توجه به شیب خط نزولی در شکل ۳ از پایداری کمتری برخوردار بود، حال آنکه بر اساس شاخص WAASB پایدار بود. چون در محاسبه شاخص WAASB، از تمامی مؤلفه‌های اصلی معنی‌دار استفاده شده است، پایداری را به شکل بهتری نشان می‌دهد و ژنوتیپ‌های برگزیده با این شاخص از پایداری مطمئن‌تری برخوردار هستند (Olivoto *et al.*, 2019b).

بای‌پلات AMMI1 و نمای "برتری هر ژنوتیپ در کدام محیط" (شکل ۳) برای شناسایی ژنوتیپ‌های سازگار برای محیط‌های ویژه کاربرد دارد، اما بای‌پلات متغیر پاسخ  $WAASB \times (GY)$  (شکل ۴) که تفسیر هم‌زمان پایداری و عملکرد (یا هر متغیر پاسخ دیگری) را انجام می‌دهد، می‌تواند برای سازگاری‌های گسترده و شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار برای تمام محیط‌ها به‌کار رود (Olivoto *et al.*, 2019a). مهم‌ترین مزیت این بای‌پلات نسبت به بای‌پلات AMMI1 که توسط بسیاری از پژوهشگران برای تجزیه پایداری برنج استفاده شده است (Akter *et al.*, 2014; Samonte *et al.*, 2005; Sharifi *et al.*, 2017)، این است که در محاسبه آن از همه محورهای IPCA استفاده می‌شود، بنابراین اجازه می‌دهد تا آن بخشی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط که در IPCA1 بروز پیدا نکرده است، در رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها لحاظ شوند (Olivoto *et al.*, 2019b). از دیدگاه یک به‌نژادگر، فراتر از مزایای گفته شده درباره بای‌پلات

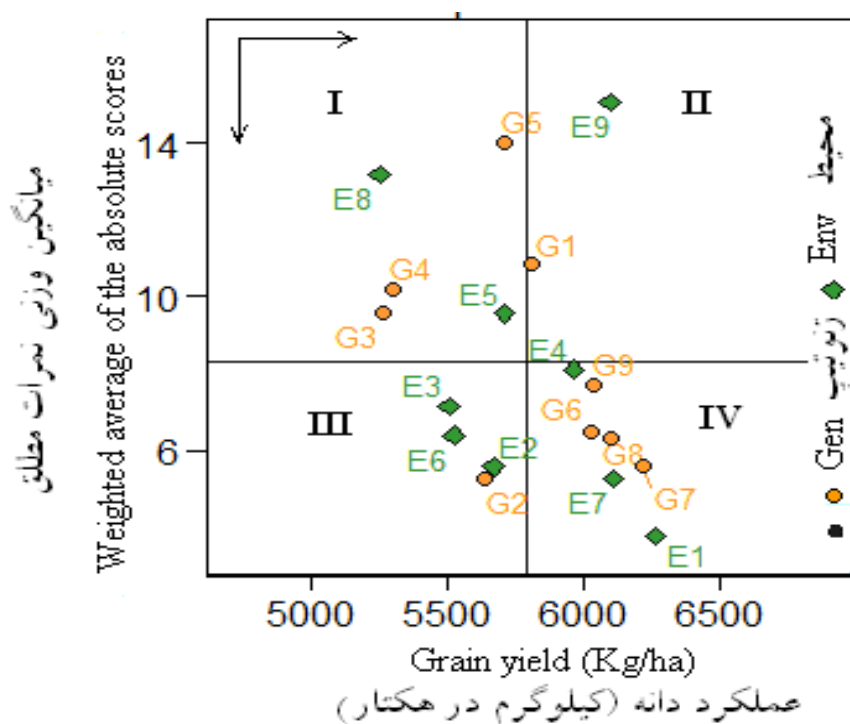
در این بخش، ژنوتیپ‌های ۳، ۴ و ۵ با وجود عملکرد نزدیک به متوسط (به‌ویژه ژنوتیپ ۵)، به دلیل داشتن بالاترین مقادیر WAASB ناپایدار بودند، اما می‌توان سازگاری ویژه را برای ژنوتیپ‌های این ناحیه نسبت به برخی از محیط‌ها بررسی کرد. به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های ۳ و ۴ را می‌توان برای هر کدام از محیط‌های ۵ و ۸ سازگار دانست (شکل ۴).

همچنین محیط ۸ به دلیل دارا بودن بیشترین شاخص پایداری WAASB، دارای توانایی شناسایی یا تشخیص بالایی بود. در چارک دوم (ربع II)، ژنوتیپ ۱ با وجود داشتن عملکرد بالاتر از میانگین کل، به دلیل مقدار بالای WAASB، ناپایدار بود. محیط‌های موجود در این ناحیه (در اینجا E9)، از قابلیت تمایز و تشخیص بالایی برخوردار بودند. ژنوتیپ‌های موجود در چارک سوم (ربع III)، دارای عملکرد کمتر از میانگین کل بودند، اما به دلیل پایین بودن مقادیر WAASB می‌توان آن‌ها را پایدار در نظر گرفت. در این ناحیه، ژنوتیپ ۲ جای دارد که در شکل ۳ نیز پایدار بود. هرچه مقدار WAASB پایین‌تر باشد، ژنوتیپ پایدارتر خواهد بود. محیط‌های این ناحیه محیط‌های با قابلیت تشخیص پایین و دارای عملکردی ضعیف هستند. ژنوتیپ‌های واقع در چارک چهارم (ربع IV) به دلیل بزرگی متغیر پاسخ (داشتن عملکرد بالا) و پایداری بالا (مقادیر پایین WAASB) بسیار پرمحصول و دارای پایداری گسترده‌ای بودند. در این ناحیه، ژنوتیپ‌های ۶، ۷، ۸ و ۹ جای گرفته‌اند (شکل ۴).

اساس میانگین عملکرد دانه (Y) و شاخص پایداری (WAASB) انجام می‌گیرد. در معیار WAASBY می‌توان وزن‌های متفاوتی به عملکرد دانه (GY) و شاخص WAASB داد. در این پژوهش، از وزن ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص استفاده شد که بیانگر آن است که پایداری و عملکرد دانه هر دو به یک میزان دارای اهمیت هستند. بر این اساس، مقدار WAASBY ژنوتیپ‌های ۷، ۸، ۶، ۹ و ۲ بیشترین از متوسط بود (شکل ۵) و ژنوتیپ‌های پایدار و با عملکرد دانه بالا بودند. پیش از این نیز نشان داده شده بود که این ژنوتیپ‌ها به‌جز ژنوتیپ ۲، به‌دلیل جای گرفتن در چارک چهارم شکل ۴، ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد دانه و پایداری بودند.

رویکرد مدل مختلط امکان تخمین پارامترهای WAASB×GY مهم در ژنتیک کمی همچون واریانس‌های ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ در محیط، وراثت‌پذیری عمومی، وراثت‌پذیری بر اساس میانگین و همبستگی‌های ژنتیکی واریانس را هم فراهم می‌کند. این اطلاعات در یک برنامه به‌نژادی گیاهی ضروری است و باید در ارزیابی آزمایش‌های چندمحیطی نیز از آن بهره‌گیری شود (Olivoto et al., 2019b).

رتبه‌بندی ژنوتیپ با توجه به وزندهی شاخص پایداری و متغیر وابسته (عملکرد دانه): در شکل ۵، ژنوتیپ‌ها با معیار WAASBY گروه‌بندی شده‌اند که در آن، گزینش هم‌زمان بر

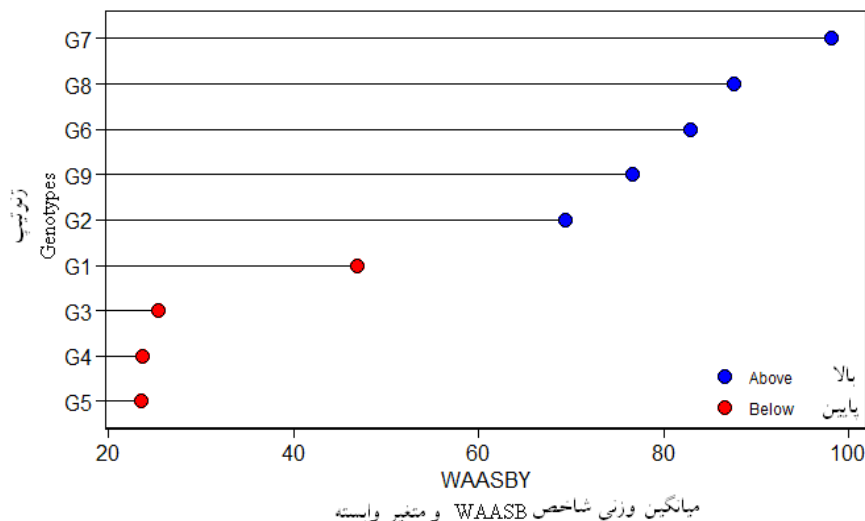


شکل ۴- بای پلات عملکرد دانه در مقابل میانگین وزنی نمرات مطلق برای بهترین پیش‌بینی‌های ن‌آریب خطی از برهمکنش ژنوتیپ‌ها با محیط (WAASB) از نه ژنوتیپ برنج در نه محیط ارزیابی شده (ترکیب سه سال زراعی با سه مکان).

Figure 4. Biplot of the grain yield vs. weighted average of absolute scores for the best linear unbiased predictions of the genotypevs-environment interaction (WAASB) of nine rice genotypes evaluated in nine environments (combinations of three cultivation years in three locations).

یک ژنوتیپ فرضی بسیار پرمحصول و کاملاً پایدار با یک دایره سیاه در گوشه سمت راست نشان داده شده است. فلش‌های افقی و عمودی سیاه در گوشه سمت چپ به‌ترتیب جهت افزایش عملکرد و پایداری را نشان می‌دهد.

A hypothetical highly productive and broadly adapted genotype in the right corner is depicted by a black circle. Horizontal and vertical black arrows in the left corner indicate the direction of the increase in yielding and stability, respectively.



شکل ۵- مقادیر برآورد شده از میانگین وزنی پایداری (WAASB) و میانگین عملکرد (Y) (WAASBY) برای نه ژنوتیپ برنج با توجه به وزن در نظر گرفته شده ۵۰ و ۵۰ برای عملکرد و پایداری

Figure 5. Estimated values of weighted average of the stability (WAASB) and mean performance (Y) (WAASBY) for nine rice genotypes considering the weights of 50 and 50 for yielding and stability, respectively

در آخرین محورها سهم کمتری در تخمین دارند. سرانجام بای پلات  $WAASB \times GY$  (شکل ۴) تفسیر هم‌زمان پایداری و عملکرد را در یک نقشه دوعبده با در نظر گرفتن تمام  $IPCA$  های مدل امکان‌پذیر می‌کند (Olivoto *et al.*, 2019b).

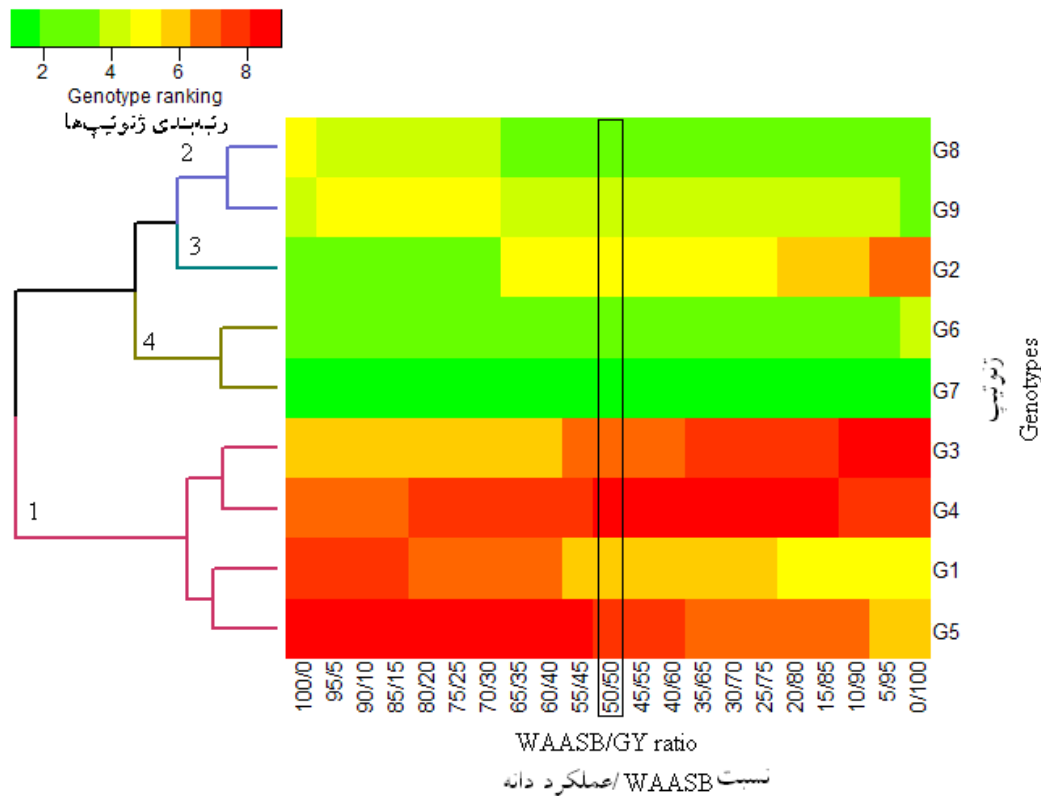
بای پلات  $AMMI1$  و شاخص‌های پایداری مبتنی بر  $AMMI$ ، مانند  $ASV$ ، در برنج با موفقیت در کمی‌سازی پایداری استفاده شده‌اند (Samonte *et al.*, 2005; Akter *et al.*, 2014; Bose *et al.*, 2014a,b; Sharifi *et al.*, 2017; Sadimantara *et al.*, 2018; Rahayu, 2020). در پژوهش حاضر، از آنجا که نمرات برخی از ژنوتیپ‌ها در دو  $IPCA$  اول بسیار پایین هستند (همانند ژنوتیپ‌های ۲ و ۶)، گزینش یا حذف این ژنوتیپ‌ها بر اساس آماره‌های مبتنی بر دو مؤلفه اصلی اول یا نمودارهای بای پلات مربوطه ممکن است نادرست باشد و نتیجه اشتباهی را در پی داشته باشد؛ بنابراین با توجه به اینکه هر کدام از مؤلفه‌ها چه میزان از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کنند، نتایج روش‌هایی همچون  $AMMI$  و بای پلات‌های مربوطه و  $GGE$  بای پلات ممکن است با واقعیت فاصله داشته باشد و از این‌رو، هنگامی که درصد توجیه این مؤلفه‌ها پایین باشد، شاخص  $WAASB$  مبتنی بر ماتریس  $BLUP$  قابل

شاخص  $WAASB$  که توسط اولیوتو و همکاران (Olivoto *et al.*, 2019b) ارائه شده است، همچون شاخص‌های پایداری  $AMMI$  (مانند  $ASV$ )، تابعی از اجزای الگوی برهمکنش ژنوتیپ در محیط است، (البته با این تفاوت که تجزیه  $AMMI$  بر روی بهترین پیش‌بینی‌های نآاریب خطی برهمکنش‌ها انجام شده است و نه داده‌های اصلی)، اما نسبت به آن‌ها مزایایی دارد (Olivoto *et al.*, 2019b). از جمله اینکه با توجه به مبتنی بر مدل اثر مختلط بودن این شاخص، دقت پیش‌بینی آن بیشتر از مدل‌های اثر ثابت - یا حتی یک مدل تصادفی است. مزیت دوم شاخص  $WAASB$ ، این است که به‌جای مربع انحرافات در  $ASV$ ، بر انحراف‌های مطلق استوار است، بنابراین، به‌دلیل حساسیت کمتر نسبت به داده‌های پرت، از قدرت بیشتری برخوردار است. سوم اینکه، شاخص  $WAASB$  در کمی کردن پایداری در ساختارهای پیچیده  $GEI$  واقع‌بینانه‌تر است، زیرا با توجه به همه محورهای مؤلفه‌های اصلی ( $IPCA$ ) معنی‌دار محاسبه می‌شود. چهارم اینکه، برخلاف  $SIPC$  (یکی دیگر از شاخص‌های پایداری  $AMMI$ ) که مجموع مقادیر مطلق نمرات  $IPCA$  را در نظر می‌گیرد،  $WAASB$ ، میانگین وزنی نمرات  $IPCA$  را در نظر می‌گیرد و بنابراین نتایج قابل اطمینان‌تر خواهند بود، زیرا نمرات بالا

پایداری (WAASB)، ۵ درصد کاسته می‌شود. به عبارتی دیگر، در اولین ستون سمت چپ، وزن برای عملکرد دانه (GY) و WAASB به ترتیب ۰ و ۱۰۰ بود، اما در آخرین ستون سمت راست، این وزن کاملاً برعکس شد و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها فقط بر اساس عملکرد دانه انجام پذیرفته است. ستون ۵۰:۵۰، جایی است که وزن عملکرد دانه (GY) و WAASB به ترتیب ۵۰ و ۵۰ بود. در شکل ۶، رتبه‌های برجسته شده توسط یک مستطیل سیاه همان است که در شکل ۵ نشان داده شده است و بیانگر این است که ژنوتیپ‌های ۷، ۸، ۶ و ۹ به ترتیب بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر وزن‌دهی یکسان برای عملکرد دانه و شاخص WAASB بودند (با توجه به رنگ و راهنمای نمودار). رتبه‌بندی نشان داده شده در سمت راست، کاملاً سازگار با رتبه ژنوتیپ‌ها برای عملکرد دانه است. همان‌گونه که دیده می‌شود، بر اساس عملکرد دانه، رتبه ژنوتیپ‌ها به صورت  $7 < 8 < 9 < 6 < 1 < 5 < 2 < 4 < 3$  بود. خوشه‌های نشان داده شده در سمت چپ این شکل می‌تواند برای شناسایی گروه‌های ژنوتیپی با نمود مشابه پایداری و عملکرد استفاده شود. خوشه ۱، شامل ژنوتیپ‌های ۳، ۴، ۱ و ۵ است که بر اساس نمودارهای پیشین نیز ژنوتیپ‌هایی با عملکرد پایین و ناپایدار بودند. ژنوتیپ‌های ۸ و ۹ در خوشه دوم، ژنوتیپ‌های پرمحصول، اما ناپایدار بودند. این ژنوتیپ‌ها زمانی که گزینش بر اساس وزن برابر متغیر وابسته و پایداری انجام می‌شد (شکل ۵) و بای‌پلات WAASB در برابر GY (شکل ۴) ژنوتیپ‌های پایداری بودند، اما در این خوشه‌بندی با توجه به وزن‌های متفاوت برای دو شاخص پایداری و عملکرد دانه، در خوشه ژنوتیپ‌های با پایداری کم جای گرفته‌اند. در خوشه سوم، ژنوتیپ پایدار، اما با عملکرد پایین ۲ جای گرفته بود که در شکل ۴ نیز ژنوتیپی با عملکردی پایین‌تر از متوسط اما پایدار بود. در آخرین خوشه، ژنوتیپ‌های ۶ و ۷ جای داشتند که پرمحصول و پایدار بودند که بر اساس شکل ۵ نیز به ترتیب در رتبه‌های اول و سوم گزینش هم‌زمان با پایداری و عملکرد دانه (WAASBY) با وزن برابر برای دو شاخص قرار داشتند.

توصیه است و نتایج به دست آمده از آن بیشتر قابل اعتماد و در نتیجه قابل استناد است. در زمینه مدل‌هایی با اثرهای افزایشی، بسیاری از پژوهشگران از ارزش پایداری AMMI (ASV) برای گزینش و توصیه ژنوتیپ‌های پایدار در برنج استفاده کرده‌اند (Samonte et al., 2005; Akter et al., 2014; Bose et al., 2014a,b; Sharifi et al., 2017; Sadimantara et al., 2018; Rahayu, 2020). مطالعات زیادی با درصد نسبتاً کم توجیه IPCA1 در گیاهانی همچون کلزا (Bocianowski et al., 2019)، ذرت (Balestre et al., 2009; Oyekunle et al., 2017)، گندم (Veenstra et al., 2019; Bornhofen et al., 2017) و برنج (Akter et al., 2014; Rahayu, 2020) انجام شده است؛ بنابراین، بای‌پلات‌های با سهم پایین مؤلفه‌ها در برهمکنش ژنوتیپ در محیط باید با احتیاط تفسیر شوند، زیرا تنها بخش ساده GEI را می‌توان در اولین مؤلفه‌های اصلی نشان داد و ممکن است بخش پیچیده GEI در این بای‌پلات‌ها حذف شده باشد (Olivoto et al., 2019b). در چنین مواقعی، بای‌پلات  $WAASB \times GY$  (شکل ۵) برای شناسایی ژنوتیپ‌های بسیار پرمحصول و با پایداری گسترده می‌تواند امیدوارکننده باشد.

برخلاف شکل ۵ که مقادیر WAASBY با در نظر گرفتن نسبت ثابت WAASB/GY (۵۰/۵۰) برآورد شده است، در شکل ۶، چگونگی تغییر رتبه‌های ژنوتیپ‌ها بسته به وزن‌های داده شده به هر کدام از دو شاخص متغیر وابسته (GY) و پایداری (WAASB) نشان داده شده است. در اولین ستون سمت چپ این نمودار، رتبه‌بندی فقط بر اساس شاخص پایداری WAASB انجام شده است، زیرا در محور X این ستون، وزن شاخص پایداری (WAASB) برابر با ۱۰۰ و وزن شاخص متغیر وابسته (GY) برابر با صفر است. بر پایه این وزن‌دهی، ژنوتیپ ۷، پایدارترین ژنوتیپ بود و در پی آن ژنوتیپ‌های ۶، ۲، ۹ و ۸ جای داشتند و ژنوتیپ ۵ ناپایدارترین ژنوتیپ بود. از چپ به راست، وزن متغیر پاسخ (عملکرد دانه) در هر ستون، ۵ درصد افزایش می‌یابد و از وزن شاخص



شکل ۶- رتبه‌های نه ژنوتیپ برنج با در نظر گرفتن وزن‌های مختلف برای پایداری و عملکرد.

Figure 6. Ranks of nine rice genotypes considering different weights for stability and yielding.

اولین رتبه سمت چپ، فقط بر اساس پایداری به دست آمده است. آخرین رتبه سمت راست نیز با در نظر گرفتن عملکرد دانه به دست آمده است. بین این دو انتها، رتبه‌ها از وزن‌های مختلف پایداری و عملکرد به دست آمده است. چهار خوشه، چهار کلاس ژنوتیپی را نشان می‌دهد: (۱) ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر عملکرد و ناپایدار؛ (۲) ژنوتیپ‌های پر محصول اما ناپایدار؛ (۳) ژنوتیپ‌های پایدار اما کم محصول؛ و (۴) ژنوتیپ‌های بسیار پر محصول و پایدار. طیف رنگ نماد رتبه ژنوتیپ‌ها است، به طوری که سبزه‌ترین رنگ، بیانگر رتبه بالاتر (بهتر) یک ژنوتیپ است و به سوی رنگ قرمز، از رتبه ژنوتیپ کاسته می‌شود.

The most-left ranks were obtained considering the stability only. The most right-ranks were obtained considering the grain yield only. Between the extremes, the ranks were obtained different weights for stability and yielding. The four clusters represent four classes of genotypes: (1) Poorly productive and unstable genotypes; (2) productive but unstable genotypes; (3) stable but poorly productive genotypes; and (4), highly productive and stable genotypes.

اول)، ژنوتیپ ۷ پایدارترین ژنوتیپ بود، حال آنکه بر اساس پارامترهای EV1 (محاسبه شده بر اساس اولین مؤلفه اصلی) و EV2 (محاسبه شده بر اساس دو مؤلفه اصلی اول) ژنوتیپ‌های ۱، ۶ و ۲ پایدار بودند. همچنین بر اساس شاخص ASV، ژنوتیپ‌های ۶ و ۲ و با شاخص MASV، ژنوتیپ‌های ۲، ۷، ۸ و ۶ پایدار شناسایی شدند. بنابراین دیده می‌شود که هرچقدر از مؤلفه‌های اصلی بیشتری استفاده شود، نتایج تجزیه‌ها به نتایج شاخص WAASBY نزدیک‌تر است که این کارایی بیشتر شاخص WAASBY را در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در مقایسه با پارامترهای پایداری AMMI می‌رساند. استفاده از شاخص‌های تک‌متغیره پارامتری ضریب رگرسیون، واریانس درون مکانی و متوسط عملکرد دانه بر روی این داده‌ها (Sharifi

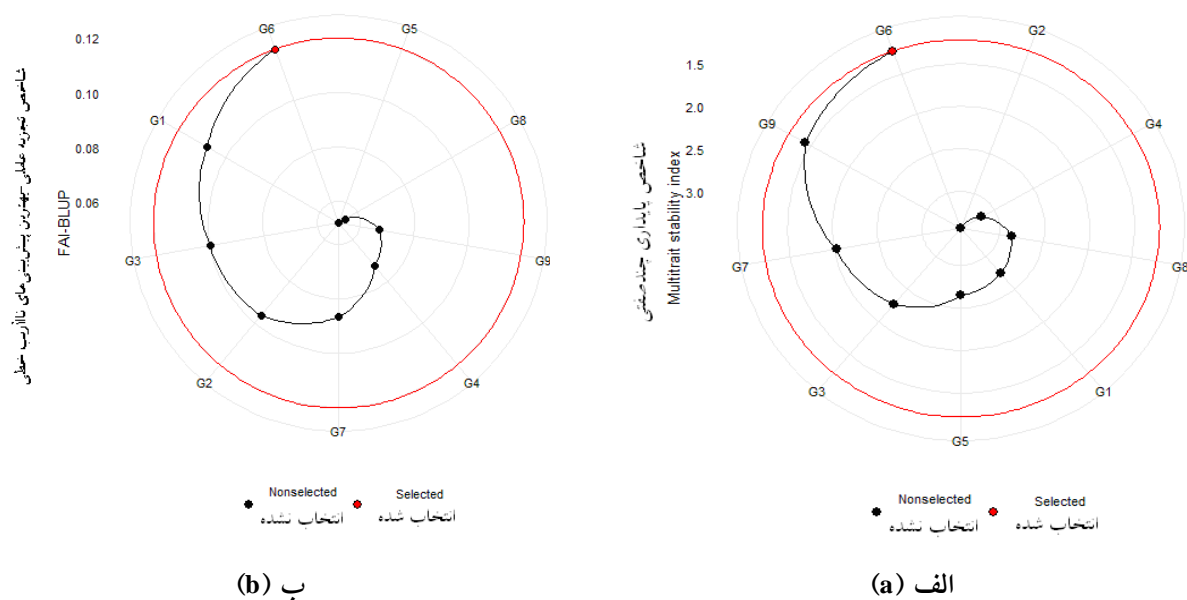
بر اساس شکل ۶ که نموداری فراگیر برای ارزیابی هم‌زمان بر اساس عملکرد دانه و شاخص پایداری WAASB است، ژنوتیپ‌های ۶ و ۷ بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری و عملکرد دانه بودند. این نتیجه با تجزیه GGE بای‌پلات بر روی این داده‌ها نیز دیده شده بود (Mohaddesi *et al.*, 2017)، اما ژنوتیپ ۲ در آن تجزیه پایدار بود، حال آنکه در تجزیه اخیر با وجود پایداری در خوشه‌ای با عملکرد پایین جای گرفته است. این موضوع، گویای قدرت تمایز بهتر ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص WAASBY در مقایسه با نمودار GGE بای‌پلات است. مقایسه نتایج این نمودار با شاخص‌های مختلف پایداری AMMI بر روی این داده‌ها (Sharifi *et al.*, 2017) نیز نشان می‌دهد که بر پایه شاخص EV4 (محاسبه شده بر اساس چهار مؤلفه اصلی

عملکرد دانه، وزن هزار دانه و طول خوشه در عامل دوم قرار داشتند (داده‌ها ارائه نشده‌اند).

**شاخص پایداری چندصفتی (MTSI) و انتخاب ژنوتیپ:** در شکل ۷، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص پایداری چندصفتی (MTSI) انجام شده است که در آن، ژنوتیپ ۶ با  $MTSI = 1/22$ ، به‌عنوان ژنوتیپ برگزیده، مشخص شده است. دایره قرمز ( $MTSI = 1/22$ ) نقطه برش را نشان می‌دهد (شکل ۷-الف). ژنوتیپ ۹ که به این حلقه نزدیک بود، در تمام روش‌های ارزیابی بر اساس عملکرد و پایداری (WAASBY) نیز ژنوتیپی پایدار بود، همان رقم شاهد شیرودی است که پیش از این با پشت سر گذراندن مراحل مختلف گزینش و آزمایش‌های ارزیابی عملکرد به‌عنوان رقم آزاد شده بود و جای‌گیری چنین رقم شاهدی در بیشتر نمودارها گواهی بر اهمیت استفاده از این شاخص‌ها و نمودارهای مربوطه در گزینش و معرفی رقم است. انتخاب ژنوتیپ توسط MTSI با توجه به ارزش صفات در ژنوتیپ‌ها، یعنی صفاتی که نمود خوبی دارند، نیز مهم است (Olivoto et al., 2019a).

and Aminpanah, 2016)، ژنوتیپ ۲ را دارای تغییرات کم در محیط‌های متفاوت؛ ژنوتیپ ۷ را دارای پایداری کمتر از متوسط و با سازگاری خصوصی در محیط‌های مساعد و ژنوتیپ ۶ را پایدارترین ژنوتیپ شناسایی کرده بود. از مقایسه این شاخص‌های پایداری تک‌متغیره با شاخص WAASBY، باز می‌توان به فراگیر بودن این شاخص نسبت به سایر شاخص‌ها و برتری آن پی برد. البته نتیجه گزینش ژنوتیپ با این آماره‌های پارامتری تک‌متغیره با نتیجه شاخص WAASBY بسیار نزدیک است و نیاز به مقایسه این شاخص‌ها را در مطالعه‌های آینده نشان می‌دهد.

**تجزیه عاملی اکتشافی، بارها و تعیین فاکتور:** تجزیه عاملی بر اساس صفات اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان داد که دو مؤلفه اصلی در مدل باقی ماندند که واریانس تراکمی این دو مؤلفه ۷۱/۳ درصد (نتایج ارائه نشده‌اند) بود. پس از چرخش واریماکس، میانگین میزان اشتراک (b) (۰/۷۱) بود. مقادیر WAASBY هر یک از ۷ صفت در دو عامل یا فاکتور (FA) قرار گرفتند که عامل اول صفات تعداد پنجه، ارتفاع بوته، تعداد دانه پر و تعداد کل دانه را در بر می‌گرفت و صفات



شکل ۷- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های انتخاب شده الف: بر پایه شاخص پایداری چندصفتی (MTSI)؛ ب: بر پایه شاخص FAI-BLUP با در نظر گرفتن شدت انتخاب ۱۵ درصد  
 Figure 7. Genotype ranking and selected genotypes based on (a) multitrait stability index (MTSI); (b) FAI-BLUP index, considering a selection intensity of 15%

فقط بر اساس تجزیه عاملی مبتنی بر پایداری انجام می‌گیرد. هر وزنی بین ۰-۱۰۰ شاخص MTSI، یک معیار چندصفتی برای گزینش هم‌زمان بر پایه متغیر وابسته و پایداری را پدید می‌آورد. در این پژوهش، از وزن‌دهی ۵۰:۵۰ برای محاسبه شاخص MTSI استفاده شد؛ بنابراین به نظر می‌رسد که با توجه به انعطاف‌پذیری شاخص MTSI نسبت به شاخص FAI-BLUP، بهتر است از شاخص MTSI و نمودار حاصل از آن استفاده شود.

به‌طور کلی نتایج نشان داد که برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه، تعداد پنجه، وزن هزار دانه و طول خوشه معنی‌دار بود. مقایسه میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP نشان داد که ژنوتیپ‌های ۷، ۸، ۹ و ۶ بیشترین میانگین پیش‌بینی شده را داشتند. بای‌پلات نوع سوم (عملکرد دانه در برابر میانگین وزنی نمرات مطلق؛ WAASB) نشان داد که ژنوتیپ‌های ۶، ۷، ۸ و ۹ بسیار پرمحصول و دارای پایداری گسترده‌ای بودند. بر اساس شاخص WAASBY، با وزن ۵۰:۵۰ برای عملکرد دانه و پایداری، ژنوتیپ‌های ۷، ۸، ۶، ۹ و ۲ ژنوتیپ‌های پایدار و با عملکرد دانه بالا بودند. با استفاده از شاخص انتخاب هم‌زمان با وزن‌های متغیر برای عملکرد دانه (GY) و پایداری (WAASB) با نام WAASBY، ژنوتیپ‌های ۶ و ۷ پرمحصول و پایدار بودند. بر اساس شاخص گزینش چندصفتی (MTSI) نیز ژنوتیپ ۶ به‌عنوان یک ژنوتیپ برتر انتخاب شد. به نظر می‌رسد که برای یک نتیجه‌گیری با اطمینان بالا استفاده از نمودار نسبت شاخص پایداری WAASB به عملکرد دانه (WAASB/GY) و نمودار گزینش ژنوتیپ برتر بر اساس شاخص MTSI بتواند به نتایج مطلوبی از تجزیه پایداری با بهره‌گیری از تجزیه‌هایی همچون تجزیه عاملی، BLUP و AMMI در شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب منجر شود. در مجموع بر اساس تمام تجزیه‌ها، ژنوتیپ ۶ پایدارترین ژنوتیپ بود که علاوه بر عملکرد دانه از نظر سایر صفات اندازه‌گیری شده نیز بر ژنوتیپ‌های دیگر برتری داشت.

پایه تجزیه عاملی برای محاسبه شاخص MTSI این است که در یک چارچوب چندصفتی، مقادیر WAASBY صفت‌ها ممکن است به‌نوعی با توجه به یک ساختار همبستگی که از قبل ناشناخته است، با یکدیگر وابستگی داشته باشند؛ بنابراین، تجزیه عاملی اکتشافی (EFA)، برای پاسخ به این ساختار همبستگی استفاده می‌شود (Olivoto *et al.*, 2019a). با استفاده از EFA، شناسایی تعداد فاکتور، ارتباط بین عوامل و چگونگی ارتباط متغیرها با این عوامل امکان‌پذیر است (Ullman, 2006). سرانجام، برآورد نمرات فاکتور نهایی امکان جلوگیری از چندهم‌خطی<sup>۱</sup>، یک مسئله سیستمیک در تجزیه‌های چندمتغیره (Olivoto *et al.*, 2017) را فراهم می‌آورد. شاخص MTSI، یک فرآیند انتخاب منحصر به فرد و آسان است که امکان انتخاب هم‌زمان بر اساس نمود عملکرد و پایداری را برای بسیاری از به‌نژادگران و متخصص‌های زراعت در هنگام داشتن داده‌های چندصفتی فراهم می‌آورد (Olivoto *et al.*, 2019a).

**شاخص FAI-BLUP:** شاخص FAI-BLUP که توسط روچا و همکاران (Rocha *et al.*, 2018) پیشنهاد شده است، یک شاخص چندصفتی دیگر و مبتنی بر تجزیه عاملی است که بر اساس فاصله هر کدام از ژنوتیپ‌ها از ژنوتیپ ایده‌آل برآورد می‌شود. بر اساس این شاخص نیز نموداری رسم گردید که همانند شاخص MTSI، پایدارترین ژنوتیپ را G6 شناسایی کرد. تفاوت‌هایی در رتبه‌بندی بر اساس این شاخص و شاخص MTSI در ژنوتیپ‌ها وجود داشت (شکل ۷. ب). تفاوت دو نمودار در این است که شاخص FAI-BLUP، یک شاخص چندصفتی است که فقط بر پایه نمود متغیر(های) اندازه‌گیری شده، گزینش ژنوتیپ را انجام می‌دهد، حال آنکه در شاخص MTSI، علاوه بر نمود متغیر(های) اندازه‌گیری شده، به شاخص پایداری هر صفت نیز توجه می‌شود. البته اگر در شاخص MTSI، وزن ۱۰۰ درصد به صفت داده شود، گزینش ژنوتیپ فقط بر اساس عملکرد دانه انجام می‌شود، ولی اگر وزن ۱۰۰ درصد به شاخص پایداری (در اینجا WAASB) داده شود، گزینش

## References

- Ahmadi, K., Ebadzadeh H.R., Hatami, F., Abdshah, H. and Kazemian, A. (2019). *Agricultural Statistics of 2017-18 Growing Year. Volume One: Crop Products*. Ministry of Jihad Agriculture, Deputy of Planning and Economy, Information and Communication Technology Center, IR (In Persian).
- Akter, A., Jamil Hassan, M., Umma Kulsum, M., Islam, M.R., Hossain, K. and Mamunur Rahman, M. (2014). AMMI biplot analysis for stability of grain yield in hybrid rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Rice Research*, **2(2)**: 126-138.
- Balestre, M., Von Pinho, R.G., Souza, J.C. and Oliveira, R.L. (2009). Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. *Genetic Molecular Research*, **8(4)**: 1311-1322.
- Bocianowski, J., Niemann, J. and Nowosad, K. (2019). Genotype-by-environment interaction for seed quality traits in interspecific cross-derived Brassica lines using additive main effects and multiplicative interaction model. *Euphytica*, **215(7)**: 1-13.
- Bornhofen, E., Benin, G., Storck, L., Woyann, L.G., Duarte, T., Stoco, M.G. and Marchioro, S.V. (2017). Statistical methods to study adaptability and stability of wheat genotypes. *Bragantia*, **76(1)**: 1-10.
- Bose, L.K., Jambhulkar, N.N., Pande, K. and Singh, O.N. (2014a). Use of AMMI and other stability statistics in the simultaneous selection of rice genotypes for yield and stability under direct-seeded conditions. *Chilean Journal of Agricultural Research*, **74(1)**: 1-7.
- Bose, L.K., Jambhulkar, N.N. and Singh, O.N. (2014b). Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of grain yield stability in early duration rice. *Journal of Animal and Plant Science*, **24(6)**: 1885-1897.
- Donoso-Nanculao, G., Paredes, M., Becerra, V., Arrepol, C. and Balzarini, M. (2016). GGE biplot analysis of multi-environment yield trials of rice produced in a temperate climate. *Chilean Journal of Agricultural Research*, **76(2)**: 152-157.
- Gauch, H.G. (1988). Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*, **44(3)**: 705-715.
- Gauch, H.G. and Zobel, R.W. (1988). Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. *Theoretical and Applied Genetics*, **76(1)**: 1-10.
- Gauch, H.G. and Zobel, R.W. (1997). Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science*, **37(1)**: 311-326.
- Kempton, R.A. (1984). The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *Journal of Agricultural Science*, **103(1)**: 123-135.
- Mohaddesi, A., Erfani, R., Sharifi, P., Aminpanah, H. and Abbasian, A. (2017). Studying the relationships between yield and yield components and stability of some of rice genotypes using biplot method. *Cereal Research*, **6(4)**: 411-421 (In Persian)
- Nardino, M., Baretta, D., Carvalho, I.R., Olivoto, T., Follmann, D.N., Vincius, J.S., Ferrari, M., de Pelegrin, A.J., Konflanz, V.A. and de Souza, V.Q. (2016). Restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction (REML/BLUP) for analyzing the agronomic performance of corn. *African Journal of Agricultural Research*, **11(48)**: 4864-4872.
- Olivoto, T., Lúcio, A.D.C., da Silva, J.A.G., Sari, B.G. and Diel, M.I. (2019a). Mean performance and stability in multi-environment trials II: selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, **111(6)**: 2961-2969.
- Olivoto, T., Lúcio, A.D.C., da Silva, J.A.G., Marchioro, V.S., de Souza, V.Q. and Jost, E. (2019b). Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, **111(6)**: 2949-2960.
- Olivoto, T. and Lúcio, A.D.C. (2020). Metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, **11**: 783-789.
- Olivoto, T., Nardino, M., Carvalho, I.R., Follmann, D.N., Ferrari, M., Szareski, V.J., de Pelegrin, A.J. and de Souza, V.Q. (2017). REML/BLUP and sequential path analysis in estimating genotypic values and interrelationships among simple maize grain yield-related traits. *Genetics and Molecular Research*, **16(1)**: 1-19.



- Rahayu, S.** (2020). Yield stability analysis of rice mutant lines using AMMI Method. IOP Conf. Series: *Journal of Physics: Conference Series*, **1436(1)**: 1-9.
- Rocha, J.R.d.A.S.d.C., Machado, J.C. and Carneiro, P.C.S.** (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *Global Change Biology and Bioenergy*, **10(1)**: 52-60.
- Sadimantara, G.R., Kadidaa B., Suaib, L. and Safuan, O.** (2018). Growth performance and yield stability of selected local upland rice genotypes in Buton Utara of Southeast Sulawesi. IOP *Conference Series: Earth and Environment Science*, **122(1)**: 1-7.
- Samonte, S.O.P., Wilson, L.T., McClung, A.M. and Medley, J.C.** (2005). Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. *Crop Science*, **45(6)**: 2414-2424.
- Sharifi, P.** (2020a). *Application of Multivariate Analysis Methods in Agricultural Sciences*. Rasht Branch, Islamic Azad University Press, IR (In Persian).
- Sharifi, P.** (2020b). *Evolution, Domesicatin, Breeding Methods and the Latest Breeding Findings in Rice*. Agricultural and Natural Resources Engineering Organization of IRAN, IR (In Persian).
- Sharifi, P., Aminpanah, H., Erfani, R., Mohaddesi, A. and Abbasian, A.** (2017). Evaluation of Genotype×Environment Interaction in Rice Based on AMMI model in Iran. *Rice Science*, **24(3)**: 173-180.
- Sharifi, P. and Aminpanah, H.** (2016). Evaluation of genotype × environment interactions, stability and a number of genetic parameters in rice genotypes. *Plant Genetic Researches*, **3(2)**: 25-42 (In Persian).
- Smith, A.B., Cullis, B.R. and Thompson, R.** (2005). The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. *Journal of Agriculture Science*, **143(1)**: 449-462.
- Ullman, J.B.** (2006). Structural equation modeling: Reviewing the basics and moving forward. *Journal of Personality Assessment*, **87**: 35-50.
- Van Eeuwijk, F.A., Bustos-Korts, D.V. and Malosetti, M.** (2016). What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × environment interactions? *Crop Science*, **56(5)**: 2119-2140.
- Veenstra, L.D., Santantonio, N., Jannink, J.L. and Sorrells, M.E.** (2019). Influence of genotype and environment on wheat grain fructan content. *Crop Science*, **59(5)**: 190-198.
- Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q. and Szlavnics, Z.** (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, **40**: 597-605.

## Evaluation the Mean Performance and Stability of Rice Genotypes by Combining Features of AMMI and BLUP Techniques and Selection Based on Multiple Traits

Peyman Sharifi<sup>1,\*</sup>, Abouzar Abbasian<sup>2</sup> and Ali Mohaddesi<sup>2</sup>

1- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Rasht Branch, Islamic Azad University, Rasht, Iran

2- Ph.D., Rice Research Station of Tonekabon, Rice Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tonekabon, Iran

3- M.Sc., Rice Research Station of Tonekabon, Rice Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tonekabon, Iran

(Received: July 19, 2020 – Accepted: January 31, 2021)

### Abstract

Additive main effect and multiplicative interaction (AMMI) and best linear unbiased prediction (BLUP) are two methods for analyzing multi-environment trials (MET). In this study, seven selected rice lines were evaluated along with two check varieties based on randomized complete block design in Tonekabon, Amol and Sari (Iran) in three growing seasons of 2011-14. To quantify the genotypic stability, the best linear unbiased predictions of the genotype by environment interactions (GEI) were estimated, and singular value decomposition (SVD), which is the basis of AMMI analysis, was performed on the resulting matrix. The likelihood ratio test (LRT) showed that the effect of GEI was significant on grain yield, number of tillers, thousand grains weight and panicle length. Therefore, due to the significant interaction of genotype by environment, BLUP analysis can be performed on this data. The biplot of first principal component (PC1) of the environment versus nominal yield showed that genotypes 7 ([IR 67015-22-6-2-(A37632) × (Amol3 × Ramzanalitarom)]39), 6 ([IR67015-22-6-2-(A37632) × (Amol3 × Ramzanalitarom)]126) and 2 ([IR64669-153-2-3 - (A8948) × (4Surinam Deylamani)]2), due to the lowest scores of the PC1, had a small share in the GEI and had more grain yield stability. The biplot of grain yield versus WAASB, placed genotypes in four regions, so that genotypes in the fourth region, including genotypes 6, 7, 8 (Line 843, check variety), and 9 (Shirodi, check variety), were due to large value of response variable (high grain yield) and high stability (low values of WAASB) were very productive and had extensive stability. Identification of genotypes with weighted average of WAASB and response variable (WAASBY) criteria showed that genotypes 6 and 7 were high yields and stable. Based on the multi-trait stability index (MTSI), G6 was also selected as the best genotype in terms of grain yield, evaluated traits and stability of each trait. Totally, genotype 6 was stable and superior based on the results of all methods.

**Keywords:** Compatibility, Multi-trait stability index (MTSI), Simultaneous selection, WAASB

---

\* Corresponding Author, E-mail: sharifi@iaurasht.ac.ir