

Evaluation of Yield Stability of Bread Wheat Genotypes Using a Combination of AMMI and BLUP Features

Seyedeh Somayeh Mousavi¹, Omidali Akbarpour^{2,*} and Tahmasb Hosseinpour³

- 1- M.Sc. Student, Production Engineering and Plant Genetics Department, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran
- 2- Assistant Professor, Production Engineering and Plant Genetics Department, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran
- 3- Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Khorramabad, Iran

*Corresponding author ✉: akbarpour.oa@lu.ac.ir

Citation: Mousavi, S.S., Akbarpour, O.A. and Hosseinpour, T. (2023). Evaluation of yield stability of bread wheat genotypes using a combination of AMMI and BLUP features. *Plant Genetic Researches*, **10(1)**: 111-122. <http://dx.doi.org/10.22034/pgr.10.1.7>

(Received: February 26, 2023; Final Revised: May 14, 2023; Accepted: May 24, 2023; Published online: September 21, 2023)

Extended abstract

Introduction

Wheat production is a crucial component of global agriculture. However, it faces numerous challenges, particularly in the context of global warming and climate change. In order to address the challenges facing wheat production, such as declining irrigated lands and average rainfall, it is important to develop cultivars that can thrive in dry and stable conditions. The stability of a plant is defined as the ability to survive in a specific environment, where it can be evaluated in different ways such as univariate and multivariate parametric methods and non-parametric methods. To this end, it is crucial to study factors such as genotype \times environment interactions and select stable cultivars using a mixed model that includes both fixed and random variables. The interaction impact of genotype \times environment can be divided into two parts: crossover (imperfect genetic correlations of traits) and non-crossover (heterogeneity of genetic variance in the environment). In random models, it is not possible to estimate the treatment effect directly. Instead, the treatment effect needs to be predicted, which introduces the potential for errors. These errors occur because the prediction of the treatment effect may not be perfectly accurate. Such error can be minimized using the BLUP method (best linear unbiased prediction). Therefore, in this study and to evaluate the error, we combined the AMMI and BLUP methods using a mixed linear model based on the BLUP method. The aim of this study was to select the superior lines in terms of performance and stability among 16 advanced bread wheat lines using a combination of the AMMI and BLUP methods along with the WAASB and WAASBY indices, as well as interpreting the relevant graphs to better understand genotype \times environment interactions.

Materials and methods

We conducted a randomized complete block design study with 15 advanced bread wheat genotypes and Aftab cultivar as a control in four replications for three consecutive cropping season (2016-2019) at Sarab Chengai agricultural research station, Khorramabad, Lorestan province, Iran. Planting was done according to the usual agronomy practices and each experimental unit consisted of 8 lines of 6 meters with a row spacing of 15 cm. The planting depth was between 4-5 cm and the amount of seeds used was considered to be 350 seeds per square meter based on the weight of one thousand seeds. We used a method that combines AMMI and BLUP methods in the form of singular value decomposition (SVD) to determine genotypic stability. In order to incorporate all the components in genotype selection and enhance the interpretation of stability, various indices such as the WAASB index (weighted average of absolute scores) and WAASBYi index (weighted average of stability and grain yield)



©2023 The author(s). This is an open access article distributed under [Creative Commons Attribution 4.0 International License \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source.

are utilized to quantify stability based on relationships. The estimation of variance components is conducted using the REML (restricted maximum likelihood) method, and the significance of random effects is determined through the likelihood ratio test (LRT).

Results and discussion

The results of present study indicated that the interaction effect of genotype \times year for the grain yield trait could be explained by only two main components. The first main component explained 71.7% of genotype \times year. effect the likelihood ratio test (LRT) showed that there was a significant difference between the genotypes in terms of the grain yield, also the interaction effect of genotype \times year for the yield trait was significant ($P \leq 0.05$), suggesting that the genotypes exhibited different performances in different years. Results of this study showed that performing BLUP analysis was justified and hence the best unbiased linear predictions were estimated and stability analysis was performed using single value analysis (Emmy analysis basis) on BLUPs of genotype \times year interaction. Comparison of the predicted averages of grain yield with the BLUP method showed that genotype number 15 and followed by 16, 8, 1, 2, 12, 11 and 10 had a higher predicted yield than the average grain yield. The results of the biplot diagram of the first principal component indicated that genotypes No. 9, 12, and 13, with a lower line slope (b coefficients), had a smaller contribution to the genotype \times year interaction, and were more stable. Since only the first main component was used in this graph. Based on biplot of grain yield against the weighted average of absolute scores, the genotypes of the fourth region with a higher-than-average performance and low WAASB index were selected. However, such biplot is specific for identifying genotypes adapted to specific environments, therefore, in this research, another biplot (WAASB \times GY) was used, which is able to identify stable genotypes for all environments and simultaneous selection of genotypes, based on average grain yield (y) and stability index (WAASBY). In order to calculate such biplot, the same weights of 50:50 were given to two performance indices and stability index to indicate the importance of both indices in the selection of genotypes. Based on the results of this index, genotypes No. 15, 16, 12, 9, 4, 10, 14, and 11, with the highest WAASBY, were selected as stable and productive genotypes. Comparing the weighted average biplot of absolute scores (WAASB) and the weighted average biplot of stability and performance (WAASB \times GY), genotypes No. 15, 16, 12, 11 and 10 were selected with the highest performance and stability parameters.

Conclusion

The challenges faced in breeding plants lie in the fact that they interact with their environment and different factors such as soil erosion, water-holding capacity, physical characteristics of the soil, competition for light, nutrients, water, and other environmental factors, which often vary across environments, leading to genotype \times environment interactions. To address this issue, we utilized a linear mixed model to model the yield as a response variable. Our findings were consistent with similar studies that have used AMMI and BLUP methods to identify high yielding stable cultivars. Based on the results of our research, we identified genotypes 15, 16, 12, 11, and 10 showing the average yields of 3284.167, 3289.722, 3293.861, 3556.833, and 3665.139 kg/ha, respectively. We recommend these genotypes for cultivation in similar weather conditions due to their stable performance.

Keywords: Genotype \times environment interaction effects, Combination of AMMI and BLUP method, Stability, Bread wheat



ارزیابی پایداری عملکرد ژنوتیپ‌های گندم نان با استفاده از ترکیبی از ویژگی‌های AMMI و BLUP

سیده سمیه موسوی^۱، امیدعلی اکبرپور^{۲*} و طهماسب حسین‌پور^۳

- ۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد
 ۲- استادیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد
 ۳- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۱۲/۰۷؛ تاریخ آخرین ویرایش: ۱۴۰۲/۰۲/۲۴؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۳/۰۳؛ تاریخ انتشار برخط: ۱۴۰۲/۰۶/۳۰)

چکیده

در این پژوهش ۱۵ ژنوتیپ گندم نان به همراه رقم آفتاب به عنوان رقم شاهد با ۴ تکرار در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی به مدت ۳ سال زراعی (۱۳۹۸-۱۳۹۵) در ایستگاه سراب چنگایی شهرستان خرم‌آباد با هم مقایسه شدند. آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) نشان داد که اثر متقابل ژنوتیپ در سال برای عملکرد دانه معنی‌دار است. بر این اساس تجزیه مقادیر منفرد (SVD) بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نأاریب خطی (BLUP) اثر متقابل ژنوتیپ × سال، برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها انجام شد. اسکری‌پلات نشان داد که مؤلفه اصلی اول ۷۱/۷ درصد و مؤلفه اصلی دوم ۲۸/۳ درصد از تغییرات ماتریس حاصل از بهترین پیش‌بینی‌های نأاریب خطی برهم‌کنش ژنوتیپ در سال را توجیه نمودند. بای‌پلات اولین مؤلفه اصلی محیط در برابر عملکرد اسمی نیز نشان داد که ژنوتیپ‌های شماره ۹، ۱۲ و ۱۳ سهم ناچیزی در برهم‌کنش ژنوتیپ × سال داشتند و از پایداری عمومی بالاتری برخوردار بودند. همچنین بای‌پلات حاصل از عملکرد دانه در برابر میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB)، ژنوتیپ‌ها را در چهار ناحیه قرار داد، به طوری که ژنوتیپ‌های شماره ۱۵، ۱۶، ۱۲، ۱۱ و ۱۰ در ناحیه چهارم به دلیل پایداری بالا (مقادیر پایین WAASB) و بزرگی متغیر پاسخ (عملکرد بالا) قرار گرفتند و به عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناخته شدند. شاخص WAASBY (میانگین وزنی پایداری WAASB و عملکرد) ژنوتیپ‌های شماره ۱۵، ۱۶، ۱۰، ۱۲، ۱۴، ۱۱، ۹ و ۴ را به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار و پر محصول معرفی نمود. به طور کلی بر اساس دو شاخص WAASB و WAASBY و مقایسه آن‌ها، ژنوتیپ‌های ۱۵، ۱۶، ۱۲، ۱۱ و ۱۰ به عنوان ژنوتیپ‌های برتر انتخاب شدند که می‌توان آن‌ها را به منظور کشت در اقلیم‌های مشابه توصیه نمود.

واژگان کلیدی: اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط، پایداری، ترکیب دو روش AMMI و BLUP، گندم نان

گندم به‌عنوان اصلی‌ترین گیاه زراعی از اهمیت فراوانی در کشاورزی و کارهای تحقیقاتی برخوردار است. گندم نان (*Triticum aestivum*) یکی از مهمترین گیاهان زراعی می‌باشد که به‌عنوان غذای اصلی در بیشتر کشورها به‌شمار می‌رود (Hemdane et al., 2015). امروزه برخی کشورها از جمله ایران در حال از دست دادن بخش قابل‌توجهی از اراضی آبی خود هستند. همچنین آب و هوای نیمه‌خشک کشور ایران و کاهش متوسط بارندگی پائین، نگرانی‌هایی در خصوص تولید بالای گندم ایجاد کرده است. به‌طوری که بر اساس گزارش‌های فائو در سال ۲۰۲۱، سطح زیر کشت گندم حدود ۶۵ میلیون هکتار و متوسط عملکرد حاصل از این سطح تقریباً ۱۰ میلیون تن برآورد شده است (FAO, 2021)؛ بنابراین تولید ارقام سازگار با اراضی دیم و همچنین پایدار از لحاظ عملکرد از اهمیت بسیار بالایی برخوردار می‌باشد. تاکنون پژوهش‌های متعددی به‌منظور بررسی پایداری و سازگاری در گیاهانی نظیر کنجد، گندم، برنج و بادمجان انجام شده است (Mahdavi et al., 2020; Moradpour et al., 2022; Sharifi et al., 2021; Zeinalzadeh-Tabrizi et al., 2021).

آگاهی از اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط می‌تواند در گزینش ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌های پایدار حائز اهمیت باشد. پایداری یک گیاه درواقع توانایی آن گیاه جهت بقا در محیطی خاص می‌باشد. پایداری عملکرد، صفتی موروثی است (Lin and Binns, 1988) که به روش‌های مختلفی نظیر روش‌های پارامتری تک‌متغیره و چندمتغیره و روش‌های ناپارامتری قابل ارزیابی می‌باشد. اثر متقابل ژنوتیپ در محیط می‌تواند به دو بخش متقاطع (عدم همبستگی صفات) و غیرمتقاطع (عدم تجانس واریانس ژنتیکی در محیط) تقسیم شود، چون این دو بخش فاقد توزیع کای اسکوتر هستند آزمون مستقیم آن‌ها امکان‌پذیر نیست، اما با استفاده از مدل مختلط می‌توان هر یک از اجزای آن را آزمایش کرد (Yang, 2002).

در مدل‌های تصادفی نمی‌توان اثر تیمار را به‌طور مستقیم برآورد کرد، بلکه اثر تیمار پیش‌بینی می‌شود که در این صورت خطاهای ناشی از پیش‌بینی نیز افزایش می‌یابد.

استفاده از روش BLUP (بهترین پیش‌بینی نأریب خطی) این خطا را به حداقل می‌رساند (Burgueno et al., 2000). به‌عبارتی پیش‌بینی به‌روش BLUP عدم قطعیت‌های ناشی از توزیع احتمالی را تعدیل می‌کند (Yang, 2010). بهترین پیش‌بینی‌های نأریب خطی (BLUPها) در هنگام وجود اثر مختلط خطی، پتانسیل پیش‌بینی دقیق اثرات تصادفی را فراهم می‌کند (Smith et al., 2005). همچنین در روش BLUP گزینش گیاهان، بر مبنای ارزش اصلاحی انجام می‌گیرد (Quddus et al., 2019). در این روش، برای بهره‌گیری از مزایای دو روش AMMI و BLUP با مدل مختلط خطی مبتنی بر BLUP، یک ماتریس برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط (سال) به‌دست می‌آید و از تجزیه این ماتریس با تجزیه ارزش منفرد (SVD) که پایه تجزیه روش AMMI است، یک معیار پایداری ژنوتیپی به نام شاخص پایداری میانگین وزنی نمرات مطلق (Weighted Average of Absolute Scores: WAASB) معرفی شد که با به‌کارگیری مؤلفه‌های اصلی معنی‌دار تفسیر بهتر و دقیق‌تری از کمیت پایداری ارائه می‌دهد (Olivoto et al., 2019). همچنین به‌منظور تلفیق جنبه‌های پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها، شاخص WAASBY معرفی شد که بر اساس این شاخص امکان گزینش ژنوتیپ‌ها برای میانگین عملکرد و پایداری به‌طور هم‌زمان فراهم شد و قادر به وزن‌دهی بین صفت وابسته (عملکرد دانه) و پایداری بود (Olivoto et al., 2019) که بسته به هدف به‌نژادگر می‌توان به هر یک از این دو معیار (عملکرد و پایداری) وزن‌های متفاوتی داد. امروزه از روش‌های متعددی از جمله GGE بای‌پلات، AMMI و سایر روش‌های تجزیه پایداری برای ارزیابی اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط و تعیین پایداری استفاده می‌شود، اما ارزیابی پایداری و برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط به کمک بهترین پیش‌بینی‌های نأریب خطی کمتر به چشم می‌خورد. اخیراً استفاده از تلفیق دو روش AMMI و BLUP در برخی پژوهش‌ها نظیر ارزیابی میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌های عدس، برنج و گندم دوروم گزارش شده است (Karimizadeh et al., 2021; Sharifi et al., 2021; Olivoto et al., 2017).

مؤلفه n است که به‌منظ تجزیه اثر متقابل به ۱ تا n محور مؤلفه اصلی اختصاص می‌یابد.

بخش جمع‌پذیر به کمک تجزیه معمولی ANOVA برآورد می‌شود و ماتریس اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط به‌صورت اثرات غیرافزایشی (ضرب‌پذیر) تخمین زده می‌شوند (Gauch, 1988). در ادامه تجزیه AMMI، نمرات ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها برای کشیدن نمودارهای بای‌پلات به‌کار گرفته می‌شوند تا امکان تفسیر گرافیکی برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط را فراهم آورند (Kempton, 1984).

درنهایت با تجزیه مقادیر منفرد (بخش ضرب‌پذیر) که اساس تجزیه AMMI می‌باشد بر روی ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های نآریب خطی حاصل از اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط برای تعیین کمیت پایداری استفاده شد. ماتریس اثرات کوچک شده برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط حاصل از بهترین پیش‌بینی‌های BLUP، ماتریس \hat{u}_{ge} نام دارد که طبق رابطه زیر به اجزایش تجزیه می‌شود.

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

که در آن، U_{gp} ، یک ماتریس قطری با مقدار منفرد یا ریشه اصلی و به‌ترتیب کاهشی است (یعنی از مؤلفه اصلی اول به مؤلفه دوم از مقدار این ریشه مشخصه کاسته می‌شود). Δ_{pp} و ∇_{ep}^T دو ماتریس اورتوگونال با بردارهای منفرد ژنوتیپی و بردارهای منفرد محیطی می‌باشند.

برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها از چندین نمودار استفاده شد که در ادامه به تفسیر آن‌ها می‌پردازیم. یکی از این نمودارها، نمودار بای‌پلات اولین مؤلفه اصلی محیط در برابر عملکرد اسمی (Nominal Yield) است که در محور X آن، نمره اولین مؤلفه اصلی محیط و در محور Y آن، عملکرد اسمی ژنوتیپ‌ها گنجانده شده است (شکل ۲). برخی از پژوهشگران از این نمودار برای تجزیه پایداری گندم دوروم استفاده کردند (Najafi Mirak et al., 2018). در این نمودار، برای هر یک از ژنوتیپ‌ها یک معادله خطی طبق رابطه زیر نوشته می‌شود که در آن X ، نمره محور اولین مؤلفه اصلی (IPCA1) محیطی؛ a میانگین کل هر ژنوتیپ و b اولین مؤلفه اصلی یا شیب خط (IPCA1) هر ژنوتیپ است (Olivoto et al., 2019).

$$Y = a + bx \quad (\text{رابطه ۳})$$

هدف از انجام این پژوهش تعیین لاین‌های برتر از لحاظ عملکرد و پایداری، از بین ۱۶ لاین پیشرفته گندم نان با بهره‌گیری از ترکیب دو روش AMMI و BLUP به‌همراه شاخص‌های WAASB و WAASBY و همچنین تفسیر نمودارهای مربوطه برای درک بهتر برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط می‌باشد.

مواد و روش‌ها

این تحقیق به‌منظور تعیین ارقام پر محصول پایدار و سازگار با شرایط آب و هوایی منطقه دیم معتدله شهرستان خرم‌آباد انجام شد. تعداد ۱۵ ژنوتیپ پیشرفته گندم نان به‌همراه رقم آفتاب به‌عنوان شاهد (جدول ۱)، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۴ تکرار به‌مدت ۳ سال زراعی (۱۳۹۸-۱۳۹۵) در ایستگاه تحقیقاتی سراب چنگایی شهرستان خرم‌آباد کشت گردیدند. هر واحد آزمایشی شامل ۸ خط ۶ متری با فاصله ۱۵ سانتی‌متر بود. کاشت بذر با استفاده از بذرکار مخصوص آزمایشی انجام گرفت. عمق کاشت بین ۴-۵ سانتی‌متر و میزان بذر مورد استفاده، بر اساس وزن هزاردانه، ۳۵۰ دانه در مترمربع در نظر گرفته شد.

به‌منظور تعیین کمیت پایداری ژنوتیپی از روش آلوتو و همکاران (Olivoto et al., 2019) استفاده شد. اجزای واریانس به کمک روش REML (حداکثر درست‌نمایی محدودشده) برآورد شدند و به‌منظور بررسی معنی‌داری اثرهای تصادفی از آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) استفاده شد. مؤلفه‌های واریانس به کمک اسکری‌پلات شناسایی شدند و درنهایت چون هدف انتخاب هم‌زمان ژنوتیپ پایدار و پر محصول بود از شاخص‌های WAASB و WAASBY (برای کمی‌سازی پایداری) استفاده گردید. روش AMMI خود شامل دو بخش جمع‌پذیر و ضرب‌پذیر یا باقی‌مانده بر اساس روابط زیر است.

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum \tau_n \gamma_n \delta_n + \rho_n \epsilon_n \quad (\text{رابطه ۱})$$

در رابطه (۱) بخش جمع‌پذیر (اثرات افزایشی) شامل انحراف ژنوتیپی (α_g)، انحراف محیطی (β_e) و میانگین کل μ می‌باشد. بخش ضرب‌پذیر (ضرب‌پذیر به مؤلفه‌های اصلی) شامل بردار ویژه ژنوتیپ برای محور n ؛ γ_n مقدار منفرد ویژه برای محور مؤلفه اصلی n و δ_n بردار ویژه محیطی برای

برای این که بتوان تم AMMI مؤلفه‌ها را در گزینش ژنوتیپ‌ها استفاده نمود و تفسیر بهتری از پایداری ژنوتیپ‌ها ارائه داد از نمودار شاخص WAASB میانگین وزنی نمرات مطلق طبق رابطه زیر استفاده شد.

$$WAASBi = \sum_{k=1}^p \frac{|IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k} \quad (\text{رابطه ۴})$$

و در نهایت نمودار شاخص WAASBYi با رابطه زیر برای کمی‌سازی پایداری به کار گرفته شد.

$$WAASBYi = \frac{\{W_y \times [(\frac{GY_i}{GY_{max}}) \times 100] + [W_s \times (100 - \frac{WAASBi}{WAASB_{min}})]\}}{W_y + W_s} \quad (\text{رابطه ۵})$$

که در این روابط، WAASBi میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ نام؛ $IPCA_{ik}$ نمره ژنوتیپ نام در کن محور مؤلفه

اصلی برهم‌کنش؛ EP_k IPCA، مقدار واریانس توجیه شده توسط کن IPCA؛ $WAASBYi$ میانگین وزنی پایداری ($WAASB$) و عملکرد دانه (Y_i) برای ژنوتیپ نام؛ W_y وزن داده شده به متغیر پاسخ (عملکرد)؛ GY_i میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ با توجه به تمام محیط‌ها؛ GY_{max} بالاترین میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ نام مشاهده شده؛ W_s وزن نسبت داده شده به شاخص پایداری ($WAASB$)؛ $WAASB_{min}$ کمترین مقدار مشاهده شده در بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد برای برآورد شاخص‌های بالا از نرم‌افزار R استفاده شد.

جدول ۱- نام و منشأ ژنوتیپ‌های گندم نان مورد بررسی

Table 1. Name and origin of investigated bread wheat genotypes

کد ژنوتیپ Genotype code	نام/شجره Pedigree / Name
G1	AFTAB
G2	BABAX/LR42//BABAX*2/3/KUKUNA/4/BACEU#1/5/BECARDCMSS07Y00885T-099TOPM-099Y-099M-099Y-10M-0RGY
G3	BABAX/LR42//BABAX*2/3/KUKUNA/4/CROSBILL #1/5/BECARDCMSS 07Y01006 T-099TOPM-099Y-099M-099NJ-099NJ-7RGY-0B
G4	BABAX/LR42//BABAX*2/3/KUKUNA/4/CROSBILL #1/5/BECARD
G5	BLOUK#1/5/FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZCMSS06B01047T-099TOPY-099Y-11M-0Y-5B-0Y
G6	KIRITATI//PRL/2*PASTOR/5/OASIS/KAUZ//4*BCN/3/PASTOR/4/KAUZ*2/YACO//KAUZ/6/KIRITATI//PRL/2*PASTORCMSS07Y00718T-099TOPM-099Y-099M-099Y-22M-0RGY
G7	BAJ#1/3/KIRITATI//ATTILA*2/PASTORCMSS07Y00288S-0B-099Y-099M-099NJ-099NJ-10WGY-0B
G8	WBL1*2/VIVITSI//MESIA/3/KIRITATI/WBL1CMSS07Y00841T-099TOPM-099Y-099M-099Y-12M-0WGY
G9	SUP152/BAJ #1CMSS08Y00185S-099Y-099M-099NJ-099NJ-28WGY-0B
G10	MUNAL*2/WESTONIAMSS08Y00871T-099TOPM-099Y-099M-099NJ-099NJ-66WGY-0B
G11	CHEWINK #1/MUTUSCMSS08Y00485S-099Y-099M-099Y-5M-0WGY
G12	MUNAL*2/WESTONIAMSS08Y00833T-099TOPM-099Y-099M-099NJ-099NJ-8WGY-0B
G13	BABAX/LR42//BABAX*2/3/PAVON 7S3, +LR47/4/ND643/2*WBL1 /5/BABAX /LR42//BABAX*2/3/PAVON7S3,+LR47CMSS08B00634T-099TOPY-099M-099NJ-099NJ-24WGY-0B
G14	QUAIU#1/5/KIRITATI/4/2*SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ/6/BECARD CMSS08B00645T-099TOPY-099M-099NJ-099NJ-6WGY-0B
G15	KACHU/BECARD//WBL1*2/BRAMBLINGCMSS07B00580T-099TOPY-099M-099NJ-099NJ-10WGY-0B
G16	KIRITATI//2*PRL/2*PASTOR/3/CHONTE/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CN079//2*SERICMSS08B00732T-099TOPY-099M-099Y-6M-0WGY

نتایج و بحث

برهم‌کنش ژنوتیپ در سال انجام شد. برخی از پژوهشگران در پژوهش‌های اصلاحی خود، پس از شدن اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط از این روش برای معرفی ارقام پایدار استفاده نموده‌اند (Karimizadeh et al., 2021). در آزمایش‌های چندمحیطی، دقت پیش‌بینی، به این معنا که مقدار پیش‌بینی شده چقدر با مقدار مشاهده شده به هم نزدیک هستند، در گزینش صحیح ارقام بسیار اهمیت دارد (Olivoto et al., 2019). در آزمایش‌های مختلط سه عامل بهبود فنون آزمایشی، افزایش تعداد تکرار و استفاده از مدل‌های آماری با توانایی پیش‌بینی بهتر، باعث افزایش دقت پیش‌بینی برای انتخاب ارقام می‌شوند (Gauch and Zobel, 1988). مدل آماری تلفیق روش AMMI و BLUP یکی از مدل‌هایی است که دقت پیش‌بینی را بالا می‌برد. مقایسه میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP نشان داد که ژنوتیپ شماره ۱۵ و پس از آن ژنوتیپ‌های شماره ۱۶، ۸، ۱، ۲، ۱۲، ۱۱ و ۱۰ دارای عملکرد پیش‌بینی شده بیشتر از میانگین کل بودند و سایر ژنوتیپ‌ها عملکرد کمتر از میانگین کل داشتند به طوری که بین ژنوتیپ شماره ۱۵ با ژنوتیپ شماره ۱۳ بیشترین اختلاف از نظر میانگین عملکرد وجود داشت (شکل ۲).

نتایج حاصل از اسکری‌پلات (شکل ۱) حاکی از آن بود که اثر متقابل ژنوتیپ × سال برای صفت عملکرد دانه، تنها توسط دو مؤلفه اصلی قابل توجیه بوده، به طوری که مؤلفه اصلی اول در این توجیه به میزان ۷۱/۷ درصد سهم داشت (جدول ۲). آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفت عملکرد دانه اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد وجود داشته است. همچنین اثر متقابل ژنوتیپ در سال برای صفت عملکرد در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار شد و این امر به این معناست که ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف عملکرد متفاوتی از خود نشان داده‌اند (جدول ۳)؛ بنابراین بررسی امر پایداری در کنار عملکرد بالا در گزینش ارقام ضرورت یافت. به عبارت دیگر معنی‌دار شدن اثر متقابل ژنوتیپ در سال بیانگر بیان فنوتیپی متفاوت ژنوتیپ‌ها در سه سال بوده است. با توجه به این موضوع شرط انجام تجزیه به روش BLUP برقرار بود، به همین دلیل اقدام به برآورد بهترین پیش‌بینی‌های نأریب خطی شد و تجزیه پایداری به روش تجزیه مقادیر منفرد (پایه تجزیه AMMI) بر روی BLUPها از

جدول ۲- واریانس مؤلفه‌ها بر اساس تجزیه AMMI

Table 2. Components based on AMMI analysis

مؤلفه	میانگین مربعات	درصد تغییرات
Component	Means Square	Percent of variation
مؤلفه اصلی اول IPCA1	447279	71.7
مؤلفه اصلی دوم IPCA2	176114	28.3

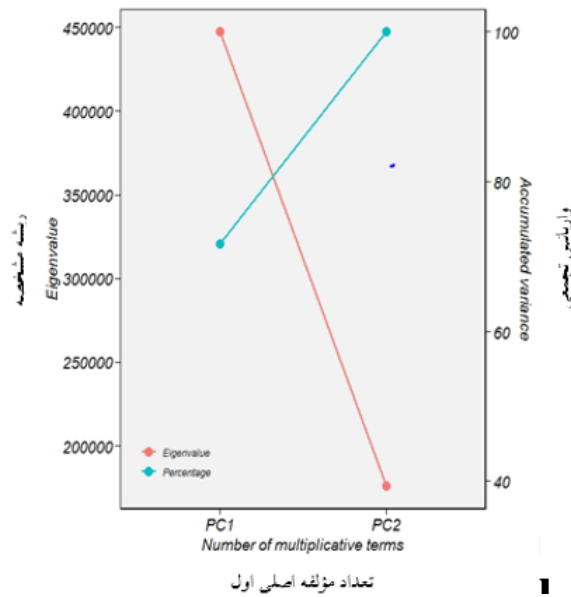
جدول ۳- آزمون نسبت درست‌نمایی برای ۱۶ ژنوتیپ گندم نان

Table 3. Likelihood ratio test for 16 bread wheat genotypes

منابع تغییرات	P-value
Source of Variation	
ژنوتیپ Genotype	0.050738*
ژنوتیپ × سال Genotype × year	0.00975*

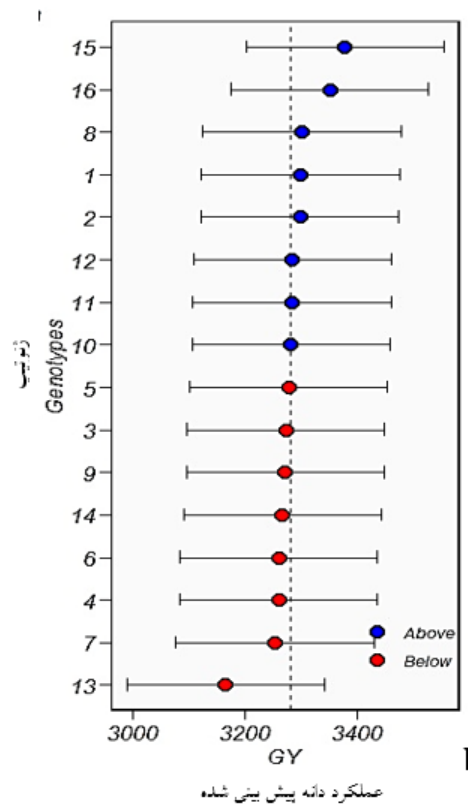
*: معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد

*: Significance at the 5% probability level



شکل ۱- اسکری پلات مؤلفه‌های واریانس اثر متقابل ژنوتیپ در محیط برای ۱۶ ژنوتیپ گندم نان

Figure 1. The Scree plot displaying the components of variance of the genotype-environment interaction for 16 bread wheat genotypes



شکل ۲- عملکرد دانه (GY) پیش‌بینی شده (بهترین پیش‌بینی ن‌آزرب خطی، (BLUP) برای ۱۶ ژنوتیپ گندم نان، دایره‌های آبی و قرمز به ترتیب ژنوتیپ‌هایی را نشان می‌دهند که دارای BLUP بالاتر و پایین‌تر از میانگین BLUP بودند. میله‌های افقی نشانگر فاصله اطمینان ۹۵ درصد از پیش‌بینی با آزمون t دوطرفه است.

Figure 2. Predicted grain yield (GY) (best linear unbiased prediction, BLUP) for 16 bread wheat genotypes. 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.

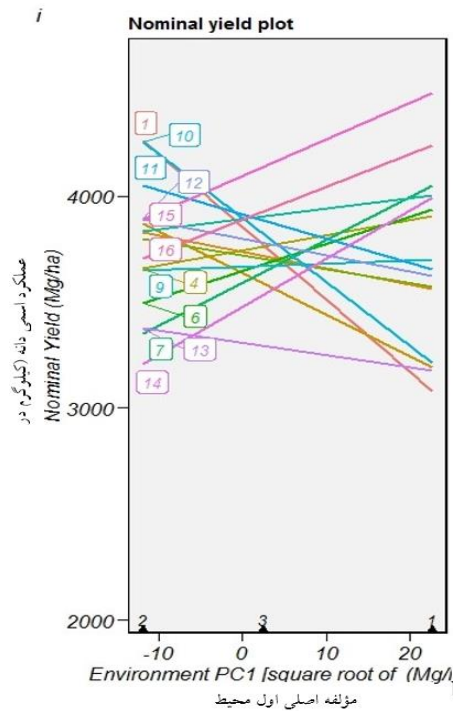
۱، ۲ و ۸ عملکرد خوبی داشتند اما از شاخص WAASB بالایی برخوردار بودند در نتیجه به‌عنوان ژنوتیپ پایدار شناخته نشدند. ناحیه سوم شامل ژنوتیپ‌های ۱۴، ۱۳، ۹، ۳ و ۴ بود که دارای عملکرد کمتر از متوسط میانگین بودند اما با داشتن میانگین وزنی نمرات مطلق پایین، سهم کمی در برهم‌کنش ژنوتیپ \times سال داشتند و پایدار بودند. ناحیه چهارم دارای ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالاتر از متوسط میانگین و شاخص WAASB پایین بود؛ بنابراین ژنوتیپ‌های این ناحیه به‌عنوان ژنوتیپ‌های پر محصول با پایداری گسترده معرفی شدند. ژنوتیپ‌های شماره ۱۵، ۱۶، ۱۲، ۱۱ و ۱۰ در این ناحیه قرار گرفتند. از آنجایی که در این بای‌پلات هر دو مؤلفه اصلی به‌کار گرفته شده است، می‌توان پایداری عملکرد دانه را به شکل مطمئن‌تری نشان خواهد داد (Olivoto *et al.*, 2019). از مزایای این بای‌پلات این است که در محاسبه شاخص WAASB همه مؤلفه‌های اصلی به‌کار گرفته می‌شود؛ بنابراین این پتانسیل را دارد که بخشی از برهم‌کنش ژنوتیپ در سال را که در IPCA1 (محور نخستین مؤلفه اصلی) بروز پیدا نکرده است در گزینش و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها لحاظ کند. از دیگر مزایای این نمودار (شکل ۳) این است که در ترسیم آن، از رویکرد مدل مختلط استفاده شده که می‌توان بر اساس آن علاوه بر برهم‌کنش ژنوتیپ \times محیط برخی دیگر از پارامترهای مهم ژنتیک کمی همچون واریانس‌های ژنوتیپی، وراثت‌پذیری و همبستگی‌های ژنوتیپی را برآورد کرد (Olivoto *et al.*, 2019). از این نمودار در چندین پژوهش به‌منظور گزینش مطمئن‌تر ژنوتیپ‌های پایدار استفاده شده است (De Abreu *et al.*, 2016; Donoso *et al.*, 2019)؛ اما این بای‌پلات مختص شناسایی ژنوتیپ‌های سازگار برای محیط‌های خاص می‌باشد؛ بنابراین در این پژوهش از بای‌پلات دیگری (WAASB \times GY) استفاده شد که قادر به شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار برای تمام محیط‌ها است (شکل ۵). این معیار قادر به گزینش هم‌زمان ژنوتیپ‌ها بر اساس هر دو پارامتر میانگین عملکرد دانه (y) و شاخص پایداری (WAASBY) است و به‌منظور کمی‌سازی پایداری استفاده شد. در محاسبه آن وزن‌های یکسانی ۵۰:۵۰ به دو شاخص عملکرد و شاخص پایداری داده شد تا بیانگر اهمیت هر دو شاخص در گزینش ژنوتیپ‌ها باشد. بر اساس نتایج این

با توجه به این که شیب خط (ضرایب b) در نمودار بای‌پلات اولین مؤلفه اصلی محیط در برابر عملکرد اسمی (Nominal Yield)، ژنوتیپ‌های شماره ۹، ۱۲ و ۱۳ از سایر ژنوتیپ‌ها کمتر بود، که بیانگر سهم کم‌تر این ژنوتیپ‌ها در برهم‌کنش ژنوتیپ در سال و پایداری بیشتر نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بودند؛ در حالی که ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۶، ۷، ۱۰، ۱۴، ۱۵ و ۱۶ به دلیل داشتن شیب خط زیاد ناپایدارتر بودند. از بین ژنوتیپ‌هایی که به کمک پیش‌بینی‌های BLUP گزینش شدند، ژنوتیپ‌های شماره ۹ و ۱۲ پایدارتر بودند چون از شیب خط کم‌تری برخوردار بودند (شکل ۳). بررسی هم‌زمان نمودار عملکرد اسمی در برابر محور نخستین مؤلفه اصلی (شکل ۳) با نمودار حاصل از بهترین پیش‌بینی‌های نآریب خطی (BLUPها) از برهم‌کنش ژنوتیپ در محیط (شکل ۲) نشان داد، با این که بین ژنوتیپ‌های شماره ۱۰، ۱۱ و ۱۲ از نظر میانگین عملکرد، اختلافی وجود مشاهده نمی‌شود، ژنوتیپ ۱۲ پایدارتر بود و از الگوی خط کاملاً متفاوتی برخوردار بود، زیرا قدر مطلق نمره IPCA1 ژنوتیپ‌های شماره ۱۰ و ۱۱ نسبت به ژنوتیپ شماره ۱۲ بیشتر بوده است. رسم نمودار خطی (شکل ۳) تنها بر پایه IPCA1 (اولین مؤلفه اصلی) می‌باشد که ۷۱/۷ درصد از تغییرات برهم‌کنش ژنوتیپ \times سال را توجیه کرد و ممکن است دقت تفسیر را به مقدار کمی کاهش دهد؛ بنابراین بررسی مؤلفه اصلی دوم نیز، نتایج مطمئن‌تر و دقیق‌تری به ما ارائه خواهد داد. برخی پژوهشگران از این روش برای شناسایی ژنوتیپ‌های عدس استفاده نموده‌اند (Dehghani *et al.*, 2008).

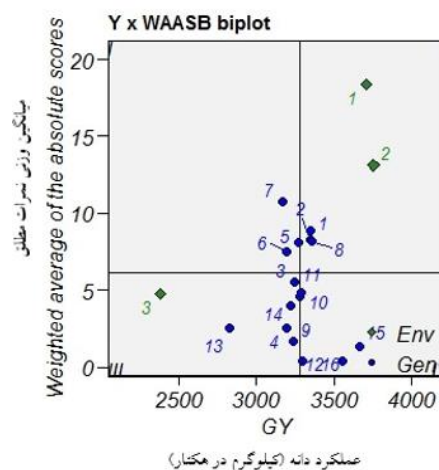
برای این که بتوانیم تفسیر بهتری از کمیت پایداری ارائه دهیم از بای‌پلات دیگری که در آن عملکرد دانه در محور X و میانگین وزنی نمرات مطلق در محور Y آن گنجانده شد استفاده نمودیم (شکل ۴). بر اساس این نمودار ژنوتیپ‌ها در چهار ناحیه قرار گرفتند. در ناحیه اول ژنوتیپ‌های شماره ۶، ۵ و ۷ که عملکرد کمتر از حد متوسط داشتند قرار گرفتند و شاخص WAASB آن‌ها زیاد بود به همین دلیل سهم بیشتری در برهم‌کنش ژنوتیپ \times سال داشتند و ناپایدار بودند. بر اساس این نمودار ژنوتیپ‌هایی که شاخص WAASB کمتری دارند پایدارتر هستند (Olivoto *et al.*, 2019). در ناحیه دوم ژنوتیپ‌های شماره

و ۱۰ به‌عنوان ژنوتیپ برتر برگزیده شدند. شریفی و همکاران (Sharifi *et al.*, 2021) در پژوهشی مشابه با هدف ارزیابی عملکرد و پایداری برنج از دو روش AMMI و BLUP و شاخص WAASBY برای شناسایی ارقام پایدار با عملکرد بالا استفاده نمودند و بر کارایی مطلوب این شاخص‌ها در تعیین ژنوتیپ‌های پایدار تأکید نمودند.

شاخص (شکل ۵)، ژنوتیپ‌های ۱۵، ۱۶، ۱۲، ۹، ۴، ۱۰، ۱۴ و ۱۱ که بیشترین WAASBY را داشتند به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار و پر محصول انتخاب شدند که بر اساس بای‌پلات قبلی (شکل ۴) نیز از بین این ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ شماره ۴، ۹ و ۱۴ در ناحیه سوم و بقیه آن‌ها در ناحیه چهارم قرار داشتند. به‌طور کلی بر اساس نتایج (شکل ۴) و (شکل ۵) و مقایسه آن‌ها، ژنوتیپ‌های شماره ۱۵، ۱۶، ۱۲، ۱۱

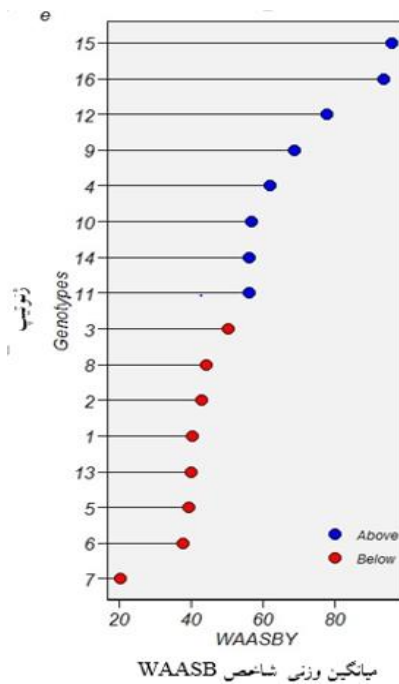


شکل ۳- نمودار عملکرد اسمی دانه برای ۱۶ ژنوتیپ گندم نان به‌عنوان تابعی از نمرات اولین محور مؤلفه اصلی محیطی برهم‌کنش
Figure 3. Nominal grain yield plot for 16 bread wheat genotypes as a function of the environment scores of the first interaction principal component axis



شکل ۴- بای‌پلات عملکرد دانه در مقابل میانگین وزنی نمرات مطلق برای بهترین پیش‌بینی‌های نأریب خطی از برهم‌کنش ژنوتیپ‌ها با محیط (WAASB)

Figure 4. Biplot of the grain yield vs. weighted average of absolute scores for the best linear unbiased predictions of the genotypes environment interaction (WAASB)



شکل ۵- مقادیر برآورد شده از میانگین وزنی پایداری (WAASB) و میانگین عملکرد (Y) (WAASBY) برای ۱۶ ژنوتیپ گندم نان 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 16 bread wheat genotypes considering the weights of 50 and 50 for yielding and stability, respectively

جدول ۴- میانگین عملکرد دانه و خطای استاندارد ۱۶ ژنوتیپ گندم نان

Table 4. Average grain yield and standard error of 16 bread wheat genotypes

ژنوتیپ Genotype	میانگین Average	خطای استاندارد SE
G1	3350.417	715.1514
G2	3346.528	730.7846
G3	3247.333	703.272
G4	3196.944	975.9887
G5	3267.639	764.465
G6	3197.222	752.0636
G7	3169.583	797.0692
G8	3359.722	821.1983
G9	3241.667	701.3515
G10	3284.167	835.2845
G11	3289.722	866.4422
G12	3293.861	814.6437
G13	2823.611	696.4088
G14	3220.889	721.8916
G15	3665.139	896.0803
G16	3556.833	727.5283

گندم نان و همچنین کشت در اقلیم‌های مشابه توصیه می‌گردند (جدول ۴). نتایج این پژوهش نشان داد که از روش BLUP (روش بهترین پیش‌بینی ناآریب خطی) که خطاهای ناشی از مدل‌های تصادفی را تعدیل می‌کند، می‌توان در ارزیابی و تجزیه تحلیل صفات مختلف استفاده نمود.

بر اساس نتایج حاصل از تلفیق دو روش AMMI و BLUP در مطالعه حاضر، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۱۱، ۱۲، ۱۶ و ۱۵ به ترتیب با میانگین عملکرد ۳۲۸۴/۱۶۷، ۳۲۸۹/۷۲۲، ۳۲۹۳/۸۶۱، ۳۵۵۶/۸۳۳ و ۳۶۶۵/۱۳۹ گرم به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر از نظر عملکرد و پایداری به‌منظور تلاقی در برنامه‌های اصلاحی

References

- Burgueno, J., Cadena, A., Crossa, J., Banziger, M., Gilmour, A. and Cullis, B. (2000). *Users Guide for Spatial Analysis of Field Variety Trials Using ASREML*, Cimmyt, Mexico.
- De Abreu, H.K.A., Ceccon, G., Correa, A.M., Fachinelli, A., Yamamoto, E.L. and MTeodoro, P.E. (2019). Adaptability and stability of cowpea genotypes via REML-BLUP and GGE Biplot. *Bioscience Journal*, **35(4)**: 1071-1082.
- Dehghani, H., Sabaghpour, S.H. and Sabaghnia, N. (2008). Genotype \times environment interaction for grain yield of some lentil genotypes and relationship among univariate stability statistics. *Spanish Journal of Agricultural Research*, **6(3)**: 385-394.
- 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.
- FAO. (2021). FAOSTAT. Food and Agricultural Organization of the United Nations. Available at <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. FAO. Rome, Italy.
- Gauch, H.G. and Zobel, R.W. (1997). Identifying mega -environments and targeting genotypes. *Iranian Journal of Crop Sciences*, **37(1)**: 311-326.
- Gauch, H.G. (1988). Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*, **44(3)**: 705-715.
- Hemdane, S., Jacobs, P.J., Dornez, E., Verspreet, J., Delcour, J.A. and Courtin, C.M. (2016). Wheat (*Triticum aestivum* L.) bran in bread making: a critical review. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, **15(1)**: 28-42.
- Karimizadeh, R., Pezeshkpour, P., Barzali, M., Mehraban, A. and Sharifi, P. (2021). Evaluation the mean performance and stability of lentil genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques. *Journal of Crop Breeding*, **12(36)**: 160-170 (In Persian).
- Kempton, R.A. (1984) The use of the bi-plots in interpreting variety by environment interactions. *Journal of Agricultural Science*, **103**: 123-135.
- Lin, C.S. and Binns, M.R. (1988). A method of analyzing cultivar \times location \times year experiments: a new stability parameter. *Theoretical and Applied Genetics*, **75**: 425-430.
- Mahdavi, A.M., Babaeian Jelodar, N., Farshadfar, E. and Bagheri N. (2020). Evaluation of stability and adaption of bread wheat genotypes using univariate statistics parameters and AMMI. *Plant Genetic Researches*, **7(1)**: 19-32 (In Persian).
- Moradpour, G., Ahmadi, H., Bagheri, M. and Guderzi, D. (2022). Evaluation of stability and adaptability in the selected lines of some iranian eggplant (*Solanum melongena* L.) by AMMI and GGE biplot methods. *Plant Genetic Researches*, **9(1)**: 135-146 (In Persian).
- Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M. and Zali, H. (2018). Assessment of non - parametric methods in selection of stable genotypes of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum). *Iranian Journal of Crop Sciences*, **19(2)**: 126-138 (In Persian).
- Olivoto, T., Nardino, M., Carvalho, L.R., Follmann, D.N., Ferrari, M., Szarecki, 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.
- Olivoto, T., Lúcio, A.D.C., Da Silva, J.A.G., Marchioro, V.S., De Souza, V.Q. and Jost, J. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, **111(6)**: 2949-2960.
- Quddus, M.R., Rahman, M.A., Jahan, N., Debsharma, S.K., Disha, R.F., Hasan, M.M., Aditya, T.L., Iftkharuddaula, K.M. and Collard, B.Y. (2019). Estimating pedigree-based breeding values and stability parameters of elite rice breeding lines for yield under salt stress during the Boro season in Bangladesh. *Plant Breeding and Biotechnology*, **7(3)**: 257-271.
- Sharifi, P., Abbasian, A. and Mohaddesi, A. (2021). Evaluation the mean performance and stability of rice genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques and selection based on multiple traits. *Plant Genetic Researches*, **7(2)**: 163-180 (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 Agricultural Science*, **143(1)**: 449-462.
- Yang, R.C. (2002). Likelihood-based analysis of genotype-environment interactions. *Crop Science*, **42**: 1434-1440.
- Yang, R.C. (2010). Towards understanding and use of mixed-model analysis of agricultural experiments. *Canadian Journal of Plant Science*, **90**: 605-627.
- Zeinalzadeh-Tabrizi, H., Mansouri, S. and Fallah-Toosi, A. (2021). Evaluation of seed yield stability of promising sesame lines using different parametric and nonparametric methods. *Plant Genetic Researches*, **8(1)**: 43-60 (In Persian).