Plant Genetic Research
ISSN: 2676-7309
Lorestan University

Investigating of Heritability and Selection of Lentil Genotypes Using Multivariate Statistical Methods and Selection Index of Ideal Genotype

Nasim Bahadorifar | Reza Mir Drikvand * | Kamran Samiei

Department of Plant Genetic and Breeding, Khor, C., Islamic Azad University, Khorramabad, Iran

*Corresponding author: re.mir1349@iau.ac.ir

Article Info

Article type:
Research Article

Article history:
Received: July 16, 2025;
Recived in revised: November 11, 2025;
Accepted: November 18, 2025;
Available online: December 30, 2025

Keywords:
Genetic variation,
Statistical methods,
SIIG Index,
Lentil,
Selection,
Heritability

ABSTRACT

Lentil (*Lens Culinaris*) is one of the most important sources of protein worldwide and most widely consumed. This plant has high nutritional value among legumes. The present study was conducted to estimate broad-seanse heritability and to perform clustering of lentil genotypes using multivariate statistical approaches. Genotypes were evaluated in a randomized complete block design with three replications at Sarab-Changai Research Station, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Centre, Khorramabad, Iran. Traits were recorded for each genotype and raw data were analyzed using Statistical experimental design model and multivariate statistical methods. Analysis of variance indicated significant differences between genotypes in most of traits. The highest heritability estimates were observed for total dry matter per plant, number of two-seeded pods, and number of seeds per pod. Based on the results of most multivariate analyses, genotype G5 was identified as the superior genotype, whereas genotype G6 was consistently classified as the weakest. The Superior Genotype Index (SIIG) was used for the final ranking of the 15 lentil genotypes. Overall, the results indicate that genotype G5, which showed high heritability for key yield-related traits, is the most promising genotype and has strong potential for use in future breeding and subsequent research programs.

Cite this article: Bahadorifar, N., Mir Drikvand, R. and Samiei, K. (2025). Investigating of heritability and selection of lentil genotype using multivariate statistical methods and selection index of ideal genotypes. Plant Genetic Research, 12(2): 161–176.
DOI: https://doi.org/10.22034/pgr.2025.2072856.1022

© Author(s) retain the copyright.

Introduction

Lentil (*Lens culinaris*) is one of the most important and widely consumed protein sources worldwide. Among legumes, it has a high nutritional value. A number of methods have been employed to assess genetic diversity in many plant species. Among these methods, phenotypic, molecular markers and methods based on pedigree analysis are widely used. Multivariate statistical methods, including principal component analysis (PCA), factor analysis; cluster analysis and GGE-Biplot were used to classifiy and identify superior genotypes. Superior Genotype Index or SIIG has also been used to rank genotypes. The purpose of this study was to estimate heritability of traits, identifing and clustering lentil genotypes using agronomic traits. In addition, SIIG Index was used to identify superior genotypse using traits.

Materials and Methods

Fifteen lentil genotypes were evaluated in a randomized complete block design with three replications at Sarab-Changai Research Station, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Centre, Khorramabad, Iran. Traits were recorded for each genotype and raw data were analyzed using Statistical experimental design model and multivariate statistical methods.

Results and Discussion

Analysis of variance of data indicated significant differences among genotypes for most of the traits. Maximum heritability was estimated for total dry matter per plant, number of two-seed pods, and number of seed per pods respectively. Genotypes G5 were known as the best and genotypes G6 were identified as the weakest genotypes based on the results obtained using most multivariate analyses. The selection index of ideal genotype (SIIG) was used to obtain the final ranking of 15 lentil genotypes. Based on the combined evaluation of all measured traits, including plant height, number of primary branches, number of nodes on the main branch, single-plant pod weight, single-plant seed weight, and number of seeds per plant, genotype G5 had the highest SIIG value (0.96) and was introduced as the superior genotype, whereas genotype G6 ranked lowest and was considered the weakest genotype.

Conclusions

The results of this study showed that most of the statistical methods used identified the same genotype as the superior genotype. Furthermore, SIIG index identified the same genotype as the superior genotype. Findings of present study also showed that SIIG index can identify the high-yielding genotype and confirm the results of other methods. In studies where the same genotypes are selected as the superior genotype using different statistical methods, the results obtained are cited with higher confidence. Overall according to the results obtained, Maximum heritability was estimated for total dry matter per plant, number of two-seed pods, and number of seed per pods, respectively, genotype G5 was the supperior genotype and seem to have the potential for future breeding and subsequent research programs.

Author Contributions

All authors contributed equally to the preparation of the manuscript.

Data Availability Statement

Data available on request from the authors.

Acknowledgements

The authors would like to thank Payam Pezeshkpour for prepare the lentil seeds used in this study.

Ethical Considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, and plagiarism, and any form of misconduct.

Funding

This research did not receive any funding.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.

پژوهش‌های ژنتیک گیاهی
شاپاالکترونیکی:۷۳۰۹-۲۶۷۶
دانشگاه لرستان

بررسی وراثت‌پذیری، تنوع و گزینش ژنوتیپ‌های عدس با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل

نسیم بهادری‌فر | رضا میردریکوند* | کامران سمیعی

گروه ژنتیک و بهنژادی گیاهی، واحد خرم آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، خرم آباد. ایران

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:
مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱٤۰٤/۰٤/۲۵
تاریخ بازنگری: ۱٤۰٤/۰۸/۲۰
تاریخ پذیرش: ۱٤۰٤/۰۸/۲۷
تاریخ انتشار: ۱٤۰٤/۱۰/۰۹

واژگان کلیدی:
تنوع ژنتیکی،
روش‌های آماری،
شاخص SIIG،
عدس،
گزینش،
وراثت‌پذیری

چکیده

به‌منظور برررسی وراثت‌پذیری صفات مختلف، تنوع ژنتیکی و انتخاب ژنوتیپ‌های عدس با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره و شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل SIIG آزمایشی با استفاده از ۱۵ ژنوتیپ عدس در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار به‌صورت کاشت پاییزه در ایستگاه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی لرستان اجرا گردید. در این پژوهش از صفات مختلفی برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر عدس استفاده شد تا ژنوتیپ برتر از بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه انتخاب شوند. با توجه به نتایج به‌دست آمده، از نظر اغلب صفات مورفولوژیکی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی تفاوت معنی‌داری در سطح ۱ یا ۵ درصد وجود داشت. صفات تعداد غلاف‌های دوبذری، وزن خشک کل تک‌بوته و تعداد دانه در غلاف به‌ترتیب بیشترین میزان وراثت‌پذیری را داشتند. شاخص ژنوتیپ برتر برای رتبه‌بندی نهایی ۱۵ ژنوتیپ عدس استفاده شد. نتایج رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های عدس مورد مطالعه نشان داد با در نظر گرفتن همه صفات (ارتفاع بوته، تعداد شاخه اولیه، تعداد گره روی شاخه اصلی، وزن غلاف‌های تک‌بوته، وزن دانه تک‌بوته، تعداد دانه در بوته)، ژنوتیپ G5 با مقدار SIIG معادل ۰/۹٦ برترین ژنوتیپ بود و در مقابل ژنوتیپ G6 از نظر پارامترSIIG ضعیف‌ترین ژنوتیپ شناخته شد. با استفاده از روش‌های آماری مورد استفاده نیز، ژنوتیپ شماره G5 با توجه به برتری‌هایی که از نظر صفات مورد بررسی، داشت، به‌عنوان برترین ژنوتیپ پیشنهاد و معرفی گردید.

* نویسنده مسئول✉: re.mir1349@iau.ac.ir
ناشر: دانشگاه لرستان
© نویسندگان
DOI: https://doi.org/10.22034/pgr.2025.2072856.1022

مقدمه

حبوبات نقش مهمی در تأمین بخشی از نیازهای غذایی انسان ایفا می کنند. عدس (*Lens culinaris* Medik) به‌دلیل داشتن مقدار قابل‌توجهی پروتئین و قیمت مناسب، نقش مهمی در تغذیه و امنیت غذایی میلیون‌ها نفر از جمعیت بشری، به خصوص در میان خانواده‌های کم درآمد دارد. عدس از مهم‌ترین منابع پروتئین گیاهی بعد از سویا و یکی از قدیمی‌ترین، پرمصرف‌ترین و با ارزش‌ترین حبوبات در جهان است (Joshi *et al*., 2010).

برای بهبود کمیت و کیفیت محصولات زراعی، نیاز به استفاده از تنوع ژنتیکی است. شناخت تنوع ژنتیکی گونه‌های گیاهی، در اصلاح‌نباتات امری لازم و ضروری است. تنوع، اساس هر برنامه‌ی اصلاحی است، به‌طوری که موفقیت یک برنامه‌ی اصلاحی به میزان تنوع موجود در مواد ژنتیکی بستگی دارد. وجود حداکثر تنوع، بزرگ‌ترین شانس برای رسیدن به موفقیت در گزینش محسوب می‌شود (Saeed *et al*., 2011). با توجه به اینکه بخش قابل‌توجهی از سطح زیر کشت عدس در کشور به‌صورت دیم است ولی رقم‌های محدودی برای کشت در این مناطق معرفی شده است (Namdari *et al*., 2025).

نتایج مطالعه اکبری و همکاران (Akbari *et al*., 2014) بر روی گیاه عدس نشان داد که بیشترین وراثت‌پذیری خصوصی مربوط به وزن صددانه و تعداد دانه در بوته (۷۷ درصد) و کمترین میزان متعلق به ارتفاع بوته (۳۲ درصد) بود.

روش‌های مختلفی برای برآورد تنوع ژنتیکی در گیاهان مورداستفاده قرارگرفته است. از جمله این روش‌ها، می‌توان به استفاده از نشانگرهای فنوتیپی و نشانگرهای مولکولی اشاره کرد (Ghaffari *et al*., 2014).

روش‌های آماری چندمتغیره شامل تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه مختصات اصلی، تجزیه عاملی، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثرات متقابل ضرب پذیر (AMMI) و تجزیه پایداری با استفاده از GGE Biplot می باشند (Jamshidi, 2017). استفاده از روش‌های تجزیه و تحلیل چندمتغیره برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم و تجزیه وتحلیل روابط ژنتیکی موجود بین مواد به نژادی امری الزامی است. تجزیه خوشه‌ای یکی از روش‌های مناسب برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها است که به‌طور وسیعی برای تجزیه الگوی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی مورد استفاده قرار می‌گیرد؛ به‌طوری که در به‌نژادی گیاهی هدف اصلی از تجربه خوشه‌ای، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و یا جمعیت‌هایی است، که بیشترین فاصله را با هم دارند (Mazinani *et al*., 2012).

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (Selection Index of Ideal Genotype: SIIG)، روشی است برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر. در این روش دو فرضیه وجود دارد: ژنوتیپ ایده‌آل مثبت دارای حداکثر پایداری و حداقل ناپایداری نسبت به بقیه ارقام است. ژنوتیپ ایده‌آل منفی نیز حداکثر ناپایداری و حداقل ثبات نسبت به بقیه ارقام را دارد (Ramzi *et al*., 2018). زالی و همکاران (Zali *et al*., 2015)، برای اولین بار از شاخص SIIG برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های کلزا استفاده کردند. در مطالعه مذکور برای آماره‌های پارامتری و ناپارامتری پایداری، شاخص SIIG را محاسبه و بر مبنای آن ژنوتیپ پایدار مشخص شد. در بررسی تنوع ژنتیکی ۳۵۲ نمونه عدس از ۵۷ کشور مختلف که با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA، انجام شد، ارقام زراعی عدس در ۳ گروه مختلف قرار گرفتند که این گروه‌بندی منعکس‌کننده منشأ جغرافیایی رقم‌های عدس بود (Khazaei *et al*., 2016).

در مطالعه‌ای که به‌منظور بررسی پایداری عملکرد ۲۴ ژنوتیپ عدس در سه محیط انجام شد، با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌ها مشخص شد که دو مؤلفه اصلی اول بیش از ۹۰ درصد تغییرات عملکرد دانه را نشان می‌دهند و اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با هم بیش از ۱۰ درصد از تنوع کل را تشکیل دادند. تجزیه و تحلیل AMMI در مطالعه مدکور نیز نشان داد که ژنوتیپ‌ها سازگاری گسترده‌ای دارند و تحت تأثیر اثر متقابل محیط × ژنوتیپ قرار نمی‌گیرند (Jeberson *et al*., 2019).

بررسی تأثیر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بر عملکرد ۱۶ ژنوتیپ عدس با محتوای آهن بالا در چهار محیط مختلف به‌مدت دو سال در نپال انجام شد (Darai *et al*., 2017). نتایج مطالعه مذکور نشان داد که میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های عدس Biofartifed HUL-57، PL-4، RL-11 و LG-12 بالاتر بوده و این ژنوتیپ‌ها عملکرد بهتر و پایداری مناسب‌تری در محیط‌های مختلف داشتند (Darai *et al*., 2017).

در مطالعه‌ای که با هدف بررسی پایداری شش ژنوتیپ عدس در هشت محیط با استفاده از روش GGE biplot انجام شد، دو ابر محیط شناسایی و ژنوتیپ شماره ۳ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ دارای عملکرد مناسب معرفی شد. محققان این مطالعه عنوان کردند که روش گرافیکی GGE biplot بهترین روش برای مشاهده ارتباط بین محیط‌ها، ژنوتیپ‌ها و صفات مختلف است (Turk and Kendal, 2017).

در تحقیقی دیگر نیز با استفاده از روش GGE biplot، پایداری عملکرد ۱۳ ژنوتیپ لوبیا در دو مکان مورد ارزیابی قرار گرفت. با استفاده از نتایج حاصل از مطالعه مذکور ژنوتیپ دارای عملکرد بالا و پایدار برای هر منطقه شناسایی و معرفی شد (Correa *et al*, 2016).

در پژوهشی دیگر ۱۵ لاین پیشرفته عدس و دو رقم گچساران و سپهر به‌عنوان شاهد جهت تعیین ژنوتیپ‌های با میانگین و پایداری عملکرد بالا با استفاده از پارامتر SIIG و تجزیه AMMI در هشت محیط مورد بررسی قرار گرفتند و طی آن ژنوتیپ‌های شماره ۱۰، ۱۱ و ۱۲ به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی شدند. علاوه بر این در مطالعه یاد شده با استفاده از بای‌پلات نیز ژنوتیپ ۱۲، به‌عنوان ژنوتیپ با عملکرد پایدار شناسایی گردید (Namdari, *et al*. 2025).

در مطالعه دیگری که به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا و سازگار به دامنه گسترده‌ای از محیط‌ها انجام شد، ۱۲ ژنوتیپ امیدبخش عدس به‌همراه ارقام شاهد (توده محلی، کیمیا و بیله سوار) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی به‌مدت سه سال زراعی و در سه منطقه مورد ارزیابی قرار گرفتند. بر اساس تجزیه AMMI، اولین و دومین مؤلفه اصلی بر همکنش ژنوتیپ × محیط به‌ترتیب ٤٥/٦ و ۱۹ درصد تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه کردند. در مجموع در مطالعه یاد شده بر اساس شاخص‌های مختلف، ژنوتیپ‌های شماره ۱۰ (S96510-13) و ٦ (ILL2261)، در بیشتر محیط‌ها دارای عملکرد بالاتر و پایداری عملکرد مطلوبی بودند (Pezeshkpour *et al*., 2024a).

در بررسی دیگری که با استفاده از روش‌های WAABS، BLUP و AMMI انجام شد (Pezeshkpour *et al*., 2024b)، پارامترهای ژنتیکی و پایداری عملکرد ژنوتیپ‌های عدس دیم در سه سال و سه منطقه مورد بررسی قرار گرفت، که بر اساس روش BLUP، بالاترین عملکرد دانه مربوط به ژنوتیپ شماره ۱۲ بود. با تلفیق دو شاخص پایداری و عملکرد دانه، شاخص WAASBY به‌دست آمد. بر اساس این شاخص نیز ژنوتیپ‌های با عملکر بالا شناسایی شدند.

با توجه به توسعه کشت و تولید حبوبات، اهمیت شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب و بررسی تنوع ژنتیکی در این گیاه زراعی، مطالعه حاضر به‌منظور شناسایی بررسی میزان وراثت‌پذیری صفات مختلف و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های عدس با استفاده از صفات زراعی، عملکرد و اجزای عملکرد، بر اساس تعدادی از روش‌های آماری چندمتغیره، اجرا شد. علاوه‌بر این برای شناسایی ژنوتیپ‌ها براساس صفات مورد مطالعه، از شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل نیز استفاده گردید.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و مشخصات محل اجرای آزمایش: برای انجام این تحقیق بذر ۱۵ ژنوتیپ عدس از مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان تهیه شد (جدول ۱).

جدول ۱- اسامی و کدهای ژنوتیپ‌های عدس مورد بررسی در این مطالعه

Table 1. Names and assigned codes of lentil genotypes evaluated in the present experiment

شماره Number	ژنوتیپ Genotype	شماره Number	ژنوتیپ Genotype
G1	10S96130-1	G9	010S96131-2
G2	010S96134-3	G10	06S53110-03
G3	06S5311002	G11	06S53111-05
G4	08S40106-01	G12	10S96155-2
G5	ILL6972	G13	06S54235-4
G6	010S96155-2	G14	ILL8066
G7	ILL7947	G15	08S40108-03
G8	ILL21226		

ژنوتیپ‌ها در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با ۳ تکرار در مزرعه تحقیقاتی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان با عرض جغرافیایی ۳۳ درجه و ۲۹ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ٤۸ درجه و ۱۸ دقیقه شرقی و با ارتفاع ۱۱۷۱ متر از سطح دریا در سال زراعی ۱٤۰۰-۱۳۹۹ به‌صورت پاییزه کشت شدند. کاشت به‌صورت دستی انجام گردید. هر کرت آزمایش شامل چهار خط به طول ٤ متر، با فاصله بین ردیف ۲۵ سانتی‌متر و فاصله بذور روی خطوط ۲ سانتی‌متر و عمق بذر حدود ۵ سانتی‌متر در نظرگرفته شد. در مراحل داشت برای مبارزه با علف‌های هرز، وجین دستی انجام گرفت و زمانی که حدود ۹۰ درصد غلاف‌های هر کرت رسیدند، برداشت به‌صورت دستی انجام گرفت. مجموع بارندگی‌ها در سال اجرای آزمایش ۳۰٤/۹ میلی متر بود.

صفات مورد بررسی در حین رشد و پس از برداشت اندازه‌گیری شدند. به‌منظور اندازه‌گیری صفات بعد از حذف اثرات حاشیه‌ای از خطوط میانی هر کرت به میزان ۱/۵ مترمربع از خط دوم و سوم به روش دستی نمونه‌برداری انجام شد. ابتدا صفات تعداد غلاف تک بذری، تعداد غلاف دو بذری، تعداد غلاف پوک در بوته، تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف بارور، وزن غلاف، وزن کل تک‌بوته، تعداد گره در ساقه اصلی، طول غلاف، تعداد دانه در هر بوته اندازه‌گیری شدند. سپس محصول برداشت شده کوبیده و به‌وسیله پنکه بادی، دانه از کاه و کلش جدا شد و صفات عملکرد دانه، کاه، زیست‌توده، وزن صددانه، وزن دانه، شاخص برداشت، تلاش زادآوری بوته و بهره‌وری از بارش اندازه‌گیری و محاسبه شدند. صفات ارتفاع بوته، تعداد شاخه اولیه و ثانویه در بوته، تعداد گره روی شاخه اصلی در حین رشد اندازه‌گیری شدند.

محاسبات آماری و تجزیه و تحلیل داده‌ها: آزمون نرمال بودن توزیع داده‌های موربوط به هر صفت با استفاده از نرم‌افزار Minitab انجام شد. تجزیه واریانس، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه به عامل‌ها و ترسیم نمودارهای دو بعدی به‌ترتیب با استفاده از نرم‌افزارهای SAS، SPSS و STAT GRAPHICS انجام شد. شاخص SIIG با استفاده از نرم افزار SPSS و Excel و با استفاده از روش ارائه شده توسط زالی و همکاران (Zali *et al*., 2015)، محاسبه شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس داده ها نشان داد که از بین ۲۰ صفت مورد بررسی، در ۱۵ صفت تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت (جدول ۲). صفات وزن غلاف‌های تک‌بوته، تعداد کل غلاف‌ها در بوته، تعداد غلاف تک بذری در بوته، تعداد غلاف دو بذری در بوته، تعداد دانه بوته، وزن خشک کل تک‌بوته، تعداد شاخه ثانویه، تعداد غلاف بارور، تعداد دانه در غلاف، شاخص برداشت دانه تک‌بوته و عملکرد کاه تک‌بوته اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد و صفات ارتفاع بوته، عملکرد دانه، وزن صددانه و بهره وری از بارش اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد، نشان دادند. در صفات تعداد شاخه اولیه، تعداد گره روی شاخه اصلی، تعداد غلاف پوک در بوته، وزن دانه تک‌بوته و تلاش بازآوری اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها مشاهده نشد.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه

Table 2. Analysis of variance (ANOVA) of studied traits

منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات صفات Mean square of traits									
		تعداد غلاف پوک در بوته NHPPP	تعداد غلاف دو بذری در بوته NTSPP	تعداد غلاف تک بذری در بوته NSSPPP	تعداد کل غلاف‌ها در بوته NTPPP	وزن غلاف‌های تک‌بوته WSSPPP	تعداد گره روی شاخه اصلی NNMB	تعداد شاخه اولیه NPB	ارتفاع بوته PH	وزن دانه تک‌بوته SWPP	تعداد دانه بوته NSPP
بلوک Block	2	130.2	1.48	44.86	43.08	0.77	18.95	0.0001	72	0.008	213.62
ژنوتیپ Genotype	14	65.94^{ns}	66.30**	1024.96**	1374.94**	4.10**	8.50^{ns}	0.94^{ns}	20.40*	3.32 ^{ns}	4497.69**
خطا Error	28	40.91	6.32	288.12	316.32	1.13	5.38	0.50	8.94	0.35	1208.78
ضریب تغییرات (درصد) CV%		33.12	38.99	38.23	30.57	42.74	17.54	25.25	11.39	30.74	37.60

ادامه جدول ۲

Table 2. Continued

منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات صفات Mean square of traits									
		عملکرد دانه GY	عملکرد کاه تک‌بوته SYPP	شاخص برداشت دانه تک‌بوته HIPP	تلاش زادآوری RE	تعداد دانه در غلاف NSPPO	تعداد غلاف بارور NFP	تعداد شاخه ثانویه NSB	وزن خشک کل تک‌بوته TNSPP	وزن صد دانه 100SW	بهره وری از بارش RP
بلوک Block	2	15634.45	0.39	26.49	518.08	0.002	62.68	32.06	0.34	0.582	0.16
ژنوتیپ Genotype	14	139969.14*	6.94**	231.79**	246.49 ^{ns}	0.01**	1257.04**	46.39**	16.65**	1.97*	1.50*
خطا Error	28	50199.27	0.71	40.73	152.95	0.002	319.42	12.11	1.51	0.78	0.54
ضریب تغییرات (درصد) CV%		24.09	29.47	21.06	20.44	29.93	2.23	37.20	35.75	20.64	29.46

NHPPP: Number of hollow pod per plant; NTSPPP: Number of tow seed pod per plant; NSSPPP: Number of single seed pod per plant; NTPPP: Number of total pod per plant; WSSPPP: Weight of seed pod per plant; NNMB: Number of nodes on main branch; NPB: Number of primary branches; PH: Plant height; SWPP: Single weight per plant; NSPP: Number of seed per plant; GY: grain yield. SYPP: straw yield per plant; HIPP: harvest index per plant; RE: Reproductive effort; NSPPO: number of seed per pods; NFP: number of fertile pods; NSB: number of secondary branch; TNSPP: total dry matter per plant; 100SW: 100 seed weight; RP: rainfall productivity.

^{ns}، * و **: به‌ترتیب غیر معنی‌دار، معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد را نشان می دهد.

^{ns}, * and **: Non-significant, significant at 5 and 1% probability levels, respectively.

وراثت‌پذیری صفات: نتایج حاصل از محاسبه وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی در جدول ۳ آورده شده است. بر این اساس بیشترین میزان وراثت‌پذیری به‌ترتیب در صفات تعداد غلاف دو بذری در بوته، وزن خشک کل تک‌بوته و تعداد دانه در غلاف، مشاهده شد. تعداد گره روی شاخه اصلی و تلاش بازآوری با مقدار ۰/۱٦ کمترین میزان وراثت‌پذیری را داشتند. تعداد غلاف دوبذری در بوته دارای بیشترین ضریب تغییرات ژنتیکی (۱۲۲/٦) بود. کمترین میزان این ضریب (۷/۷) در صفت تعداد گره روی شاخه اصلی مشاهده شده است. به‌طور مشابهی بیشترین ضریب تغییر فنوتیپی نیز با مقدار ۱٤۰/۷ در تعداد غلاف دو بذری در بوته مشاهده شد و کمترین میزان این ضریب (٤/٤) به صفت تعداد دانه در غلاف اختصاص داشت.

اکبری و همکاران (Akbari *et al*., 2021) در مطالعه‌ی بررسی تنوع ژنتیکی و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های عدس، میزان وراثت‌پذیری را براساس میانگین پلات برای صفت عملکرد دانه ۰/٦۱ برآورد نمودند. پزشکپور و افکار (Pezeshkpour and Afkar. 2024) در مطالعه‌ای در ژنوتیپ‌های عدس دیم مشخص نمودند که صفات وزن صد دانه، تعداد غلاف‌های دو بذری، عملکر بیولوژیکی، عملکرد دانه، درجه باردهی و ارتفاع بوته به‌ترتیب بیشترین میزان وراثت‌پذیری را دارند.

با توجه به اینکه در این مطالعه تعدادی از صفات مانند تعداد غلاف دو بذری و تعداد دانه در غلاف از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بودند و این صفات مرتبط با عملکرد نیز هستند، با گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر این صفات می‌توان به بهبود عملکر دانه در عدس کمک نمود.

تجزیه به عامل‌ها: برای درک روابط بین صفات، شناخت صفاتی که بیشترین نقش را در عملکرد دانه ایفا می‌کردند و شناخت عوامل پنهانی مؤثر برعملکرد، از تجزیه به عامل‌ها به روش تجزیه مؤلفه‌های اصلی استفاده شد و عوامل به‌دست آمده با استفاده از روش چرخش وریماکس (Varimax) که واریانس بین عوامل را حداکثر می‌نماید محاسبه شدند. بدین ترتیب صفات مؤثر در هر عامل شناسایی شده و عوامل نیز بر اساس مؤثرترین صفات نام‌گذاری شد. با انجام این تجزیه مشخص شد که ٤ عامل اول که دارای مقادیر ویژه بالای یک هستند و ۸٤/۷ درصد از کل تغییرات مربوط به صفات را در برمی‌گیرند.

در مطالعه حاضر بای‌پلات با استفاده از عامل اول و دوم که بیشترین تغییرات را شامل می‌شدند ترسیم شد (شکل ۱). نتایج گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها نشان داد که ژنوتیپ شماره ۵ دارای بالاترین مقدار مؤلفه‌های اول و دوم است و به‌صورت جدا از سایر ژنوتیپ‌ها قرار گرفته است. این ژنوتیپ در اغلب صفات مورد بررسی میانگین بالایی داشت (میانگین صفات آورده نشده است). نارویی و همکاران (Naruei Rad *et al*., 2008) در بررسی تنوع ژنوتیپ‌های عدس با استفاده از صفات فنولوژیک و موفولوژیک و با استفاده از تجزیه‌ی عاملی با دوران وریماکس چهار عامل استخراج نمودند که حدود ۹۵ درصد تغییرات میان صفات را توجیه کرد (Narouie Rad *et al*., 2008). در پژوهش حاضر نیز ۸٤/۷ درصد از تغییرات در چهار عامل استخراج شد و مشاهده گردید که بیش از نیمی از این تغییرات توسط مؤلفه اول توجیه شدند. نتایج بدست آمده در این خصوص تقریبا با نتایج تحقیق نارویی و همکاران (Narouie Rad *et al*., 2008). مطابقت دارد. در پژوهش دیگری که در آن تنوع ژنتیکی ۳۵ ژنوتیپ عدس بررسی گردید، تجزیه به عامل‌ها مشخص نمود که ٦ عامل ۸۵/۹ درصد از مجموع تغییرات داده‌ها را نشان می دهند (Nouri Goghari *et al*., 2014).

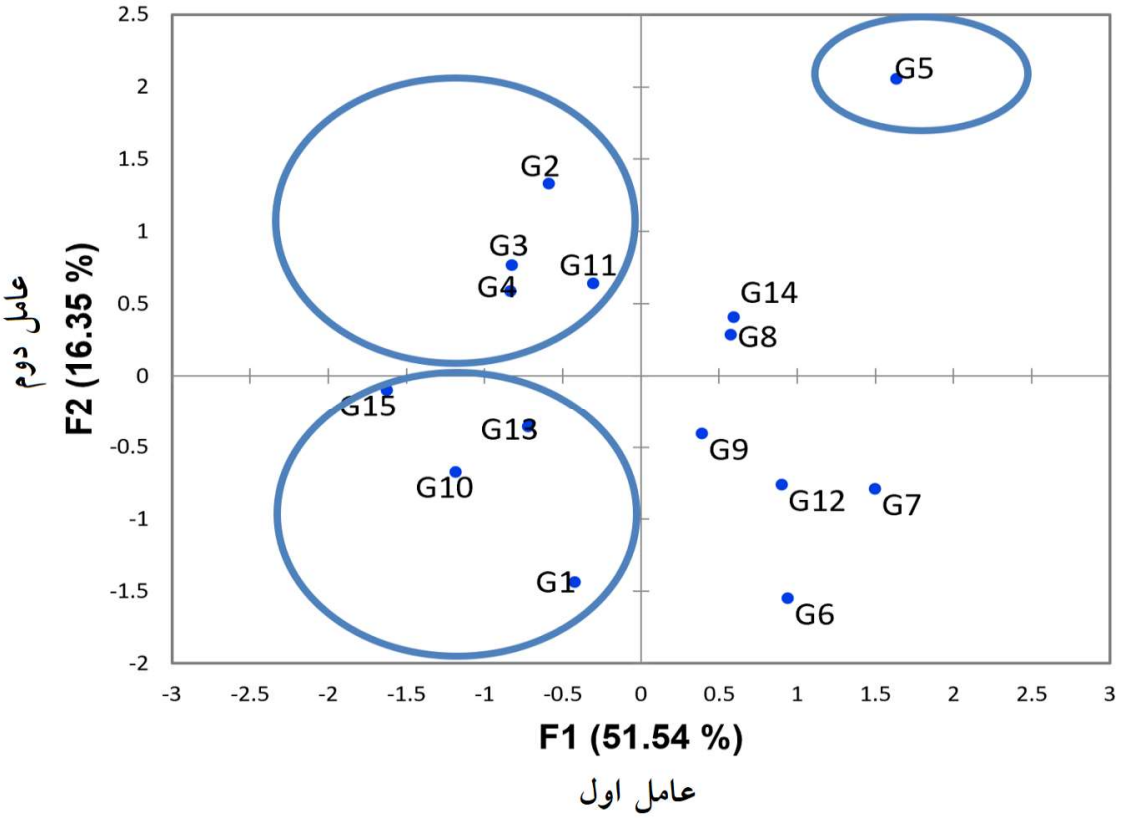
تجزیه خوشه‌ای: در یک برنامه به نژادی تجزیه خوشه‌ای و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس فاصله ژنتیکی، زمانی مؤثر است که به‌طور همزمان چندین صفت مورد بررسی قرار گیرد. به‌همین جهت به‌منظور تعیین الگوی تنوع ژنتیکی، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و تعیین فاصله ژنتیکی بین آن‌ها بر اساس صفات اندازه‌گیری شده، تجزیه خوشه‌ای به روش Ward انجام گرفت (شکل ۲).

جدول ۳- وراثت‌پذیری عمومی صفات اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های عدس مورد مطالعه

Table3. Broad-seanse (Hb) heritability of measured traits in lentil genotypes

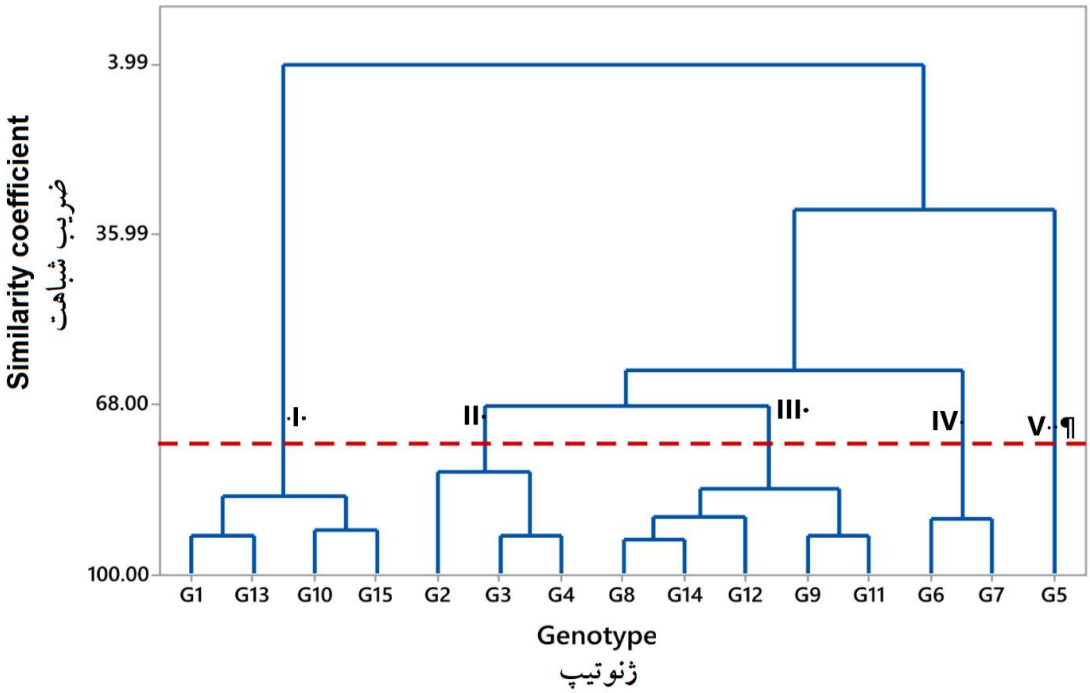
صفت Trait	واریانس ژنتیکی Genetic Variance	واریانس محیطی Environmental variance	واریانس فنوتیپی Phenotypic variance	وراثت‌پذیری عمومی General heritability	ضریب تغییرات ژنتیکی Genetic coefficient of variation	ضریب تغییرات فنوتیپی Phenotypic coefficient of variation
ارتفاع بوته PH	3.81	8.94	12.76	0.29	7.44	13.61
تعداد شاخه اولیه NPB	0.14	0.50	0.64	0.22	13.72	28.74
تعداد گره روی شاخه اصلی NNMB	1.04	5.38	6.42	0.16	7.71	19.17
وزن غلاف‌ها ی تک‌بوته (گرم) WSSPPP	0.98	1.13	2.12	0.46	39.94	58.50
تعداد کل غلاف‌ها در بوته NTPPP	352.87	316.32	669.20	0.52	32.28	44.46
تعداد غلاف تک بذری در بوته NSSPPP	245.61	288.12	533.7	0.46	35.29	52.03
تعداد غلاف دو بذری در بوته NTSPPP	19.99	6.32	26.31	0.76	122.69	140.76
تعداد غلاف پوک در بوته NHPPP	8.34	40.91	49.25	0.16	28.50	69.26
وزن دانه تک‌بوته (گرم) SWPP	0.99	0.35	1.34	0.73	51.65	60.11
تعداد دانه بوته NSPP	1096.30	1208.78	2305	0.47	35.81	51.93
وزن خشک کل تک‌بوته (گرم) TNSPP	5.04	1.51	6.56	0.76	37.65	42.94
تعداد شاخه ثانویه NSB	11.42	12.11	23.54	0.48	34.72	49.84
تعداد غلاف بارور NFP	312.53	319.42	631.96	0.49	36.79	52.32
تعداد دانه در غلاف NSPPO	0.006	0.002	0.007	0.74	3.86	4.46
تلاش بازآوری RE	31.18	152.95	184.13	0.16	13.51	32..84
شاخص برداشت دانه تک‌بوته (درصد) HIPP	63.68	40.73	104.42	0.61	25.55	32.72
عملکرد کاه تک‌بوته (گرم) SYPP	2.07	0.71	2.79	0.74	35.79	41.53
عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) GY	29923.28	50199.27	80122.5	0.37	22.75	37.23
وزن صددانه (گرم) 100SW	0.39	0.78	1.17	0.33	17.20	29.60
بهره وری از بارش(کیلوگرم بر میلیمتر) RP	0.32	0.54	0.86	0.37	22.76	37.23

NHPPP: Number of hollow pod per plant; NTSPPP: Number of tow seed pod per plant; NSSPPP: Number of single seed pod per plant; NTPPP: Number of total pod per plant; WSSPPP: Weight of seed pod per plant; NNMB: Number of nodes on main branch; NPB: Number of primary branches; PH: Plant height; SWPP: Single weight per plant; NSPP: Number of seed per plant; GY: grain yield. SYPP: straw yield per plant; HIPP: harvest index per plant; RE: Reproductive effort; NSPPO: number of seed per pods; NFP: number of fertile pods; NSB: number of secondary branch; TNSPP: total dry matter per plant; 100SW: 100 seed weight; RP: rainfall productivity.



شکل ۱- بای‌پلات عامل اول در مقابل عامل دوم برای ۱۵ ژنوتیپ عدس

Figure 1. Biplot of 15 lentil genotypes based on the first and second factors



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های عدس به روش Ward

Figure 2. Cluster analysis of lentil genotypes using Ward's method

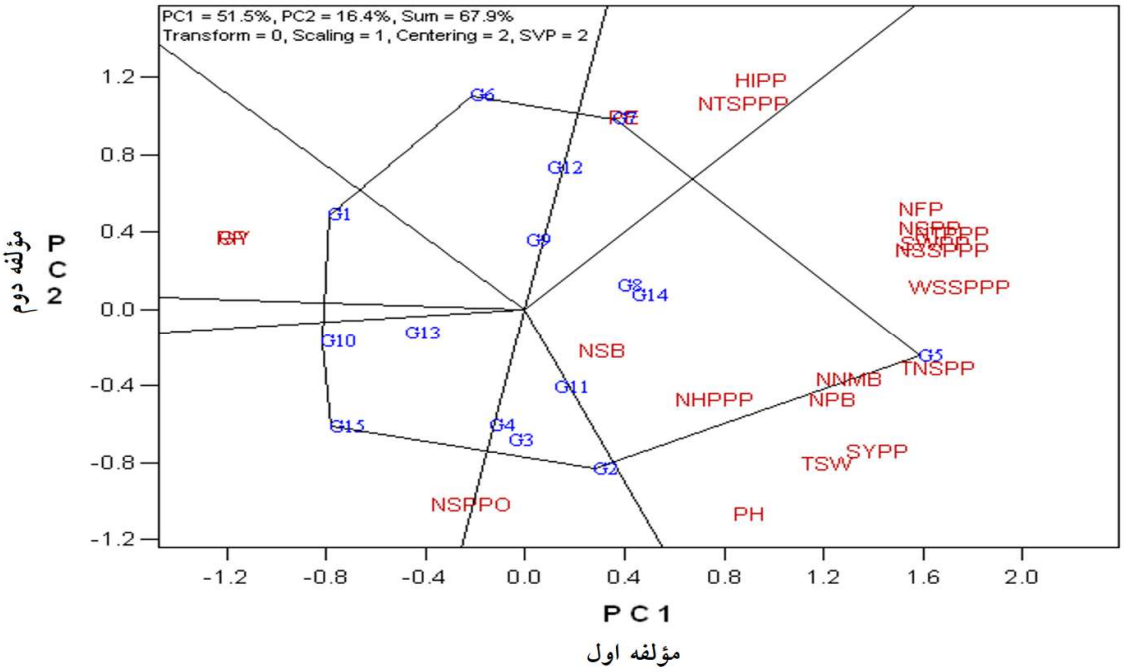
تعداد خوشه‌ها با استفاده از تابع تشخیص برابر ۵ تعیین شد. نمودار درختی در شکل ۲ آورده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود در خوشه یک ژنوتیپ‌های ۱، ۱۳، ۱۰و ۱۵، در خوشه دوم ژنوتیپ‌های ۲، ۳ و ٤، در خوشه سوم ژنوتیپ‌های ۸، ١٤، ۱۲، ۹، ۱۱ و ژنوتیپ‌های ٦ و ۷ در خوشه چهارم قرار گرفتند و ژنوتیپ ۵ به تنهایی در خوشه پنجم قرار گرفت. نتایج گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس تجزیه خوشه‌ای تا حدودی نتایج گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از بای‌پلات را تأیید می نماید به‌طوری که ژنوتیپ شماره ۵ که دارای بیشترین مؤلفه اول و دوم بوده و در بای‌پلات به‌طور مجزا قرار گرفته است، در تجزیه خوشه‌ای نیز در گروهی جداگانه قرار دارد.

تجزیه خوشه‌ای روشی مؤثر برای ارزیابی تنوع ژنتیکی برای صفات مورفولوژیکی در عدس می‌باشد که توسط محققین زیادی گزارش شده است (Kumar *et al*., 2012). تجزیه خوشه‌ای۳۱۷ رقم عدس از کشور پاکستان نیز نشان داد که در بین صفات مورد بررسی، صفات عادت رشد، کرکی بودن برگ، اندازهٔ برگچه و رنگ پوشش بذر دارای تنوع زیاد بودند (Sultana *et al*., 2005).

در بررسی تنوع بین گونه‌ای صفات مورفولوژیک در ۹٦ نمونه از عدس‌های وحشی گونه‌های *L. Lens ervoides*، *L. nigricans* و *L. odemensis* مشخص شد که در بین صفات کمی، بیشترین ضریب تغییرات فنوتیپی مربوط به وزن صددانه بود و در نتیجه تجزیه‌های چندمتغیره با استفاده از صفات کیفی و کمی تا حد زیادی قادر به جداسازی گونه‌ها از همدیگر شدند. تجزیه خوشه‌ای به روش Ward براساس صفات کمی در مطالعه یاد شده ژنوتیپ‌ها را در سه گروه قرار داد (Porasmaeil *et al*., 2012). قرار گرفتن ژنوتیپ‌ها در گروه‌های مختلف نشان دهنده تنوع بالای این ژنوتیپ‌ها بود. نتایج تجزیه خوشه‌ای آزمایش حاضر ژنوتیپ‌ها را در ۵ گروه قرار داد، این موضوع وجود تنوع بین ژنوتیپ‌های عدس مورد بررسی را تایید می‌کند. در مطالعه دیگری با استفاده از تجزیه خوشه‌ای ۳۰ ژنوتیپ عدس را براساس صفات مورفولوژیک در ۳ گروه متفاوت دسته‌بندی شدند (Tyagi and Khan, 2011). همچنین در بررسی انجام شده توسط کومار و همکاران (Kumar *et al*., 2012)، ۲۳ ژنوتیپ عدس براساس ۱۲ صفت مورد مطالعه قرار گرفتند و با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به ٤ گروه مختلف تقسیم‌بندی شدند (Kumar *et al*., 2012).

تجزیه GGE بای‌پلات: در میان روش‌های متعدد برای ترسیم بای‌پلات ژنوتیپ در صفت (GT)، نمای چندضلعی کمک می‌کند که ژنوتیپ‌هایی که دارای بالاترین مقدار برای یک صفت یا بیشتر صفات می‌باشند، تشخیص داده شوند. این روش بهترین راه را برای تجسم و تشخیص الگوها و روابط بین ژنوتیپ‌ها و صفات را مهیا می‌کند. ژنوتیپ‌ها در رئوس چندضلعی یا در داخل چندضلعی قرار می‌گیرند.

بر اساس شکل ۳، شش ژنوتیپ (ژنوتیپ‌های شماره ۷، ٦، ۵، ۲، ۱ و ۱۵) در رئوس چندضلعی قرار گرفته‌اند. از آنجایی که این ژنوتیپ‌ها بیشترین فاصله را از مبدأ بای‌پلات دارند، به‌عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها برای بعضی از صفات یا همه صفات محسوب می‌شوند؛ بنابراین به‌نظر می‌رسد که ژنوتیپ شماره ۵ بالاترین مقدار برای اغلب صفات اندازه‌گیری شده را دارا می‌باشند. همچنین ژنوتیپ ۵ بالاترین مقدار وزن دانه در بوته در میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی را داشت (شکل ۳). علاوه‌بر این نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های شماره ٦، ۱ و ۱۰ دارای بیشترین مقدار برای صفات عملکرد دانه و بهره‌وری از بارش می‌باشند (شکل ۳). از نمودار GGE بای‌پلات برای شناسایی ارقام با عملکرد بالا و سازگار توسط پژوهشگرانی زیادی از جمله ستی‌ملا و همکاران (Setimela *et al*., 2007) در ذرت، مورایس و همکاران درگندم (Morris *et al*., 2004)، جبرسون و همکاران(Jeberson *et al*., 2019) و دارایی و همکاران (Darai *et al*., 2017) درعدس استفاده شده است. روش GGE بای‌پلات توسط گابریل ابداع شد (Gabriel, 1971) و سپس استفاده از آن به وسیله کمپتون (Kempton, 1984) توسعه یافت. سودمندی گسترده GGE بای‌پلات، که در آن G برابر اثر ژنوتیپ و GE برابر اثر ژنوتیپ × محیط است، در دهه‌های اخیر روشن شده است (Yan *et al*., 2000).



شکل ۳- نمایش چندضلعی بای‌پلات ژنوتیپ‌های عدس بر اساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم

Figure 3. Polygonal biplot of lentil genotypes based on first two principal components (PC_1 and PC_2)

روش GGE بای‌پلات، به‌طور چشم‌گیری توجه اصلاح‌کنندگان را به خود معطوف نموده است. این تکنیک ابزاری چندمنظوره در تجزیه‌های ژنتیک کمی و اصلاح‌نباتات است که در تجزیه داده‌های صفت × ژنوتیپ، ژنوتیپ × نشانگر و تلاقی دای‌آلل نیز کمک‌ساز است (Yan *et al.*, 2000; Yan, 2001; Yan and Rajcan, 2002). کریمی‌زاده و همکاران با ارزیابی پایداری ۱۰ ژنوتیپ عدس با روش GGE بای‌پلات دریافتند که دو مؤلفه اصلی اول و دوم به‌ترتیب ۴۸ و ۴۱ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه می‌نمایند، بنابراین با اطمینان بالا نسبت به ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها و شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار اقدام کردند (Karimizadeh *et al.*, 2013). یافته‌های پژوهش کریمی‌زاده و همکاران با استفاده از تجزیه GGE بای پلات بر روی ۱۸ ژنوتیپ عدس حاکی از آن است که دو مؤلفه اصلی اول در مجموع ۶۷.۹۲ درصد (به‌ترتیب ٤٤.٢٤ و ٢٣.٦٨) از کل تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند (Karimizade *et al.*, 2021) . در مطالعه حاضر مشخص شد که ٤ عامل اول که دارای مقادیر ویژه بالای یک هستند و ۸٤/۷ درصد از کل تغییرات مربوط به صفات را در برمی‌گیرند.

شاخص SIIG: در این پژوهش از صفات مختلفی برای شناسایی ژنوتیپ‌های عدس برتر استفاده شد تا یک یا چند ژنوتیپ با اعتبار بالا از بین ژنوتیپ‌های مطالعه شده، گزینش شوند. هرچند در چنین شرایطی ممکن است نتایج متناقضی به‌دست آید و رسیدن به یک نتیجه نهایی ممکن نشود، اما اگر در این شرایط، رقمی انتخاب شود که از نظر صفات مختلف بهترین عملکرد را داشته باشد؛ به‌نظر می‌رسد که استفاده از چندین صفت، بهتر از استفاده از یک صفت باشد. در چنین شرایطی استفاده از شاخص‌های چندمعیاره مانند SIIG نیز می‌تواند مفید باشد. برای رتبه‌بندی نهایی ۱۵ ژنوتیپ عدس از این شاخص استفاده شد. مقدارآن از صفر تا یک متغیر است و هر چه مقدار SIIG ژنوتیپی به یک نزدیک‌تر باشد، آن ژنوتیپ به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر خواهد بود. نتایج رتبه بندی ژنوتیپ‌های عدس با در نظر گرفتن همه صفات در جدول ٤ آورده شده است.

جدول ٤- رتبه بندی ١٥ژنوتیپ عدس بر اساس روش SIIG

Table 4. Ranking of 15 lentil genotypes based on SIIG

ژنوتیپ Genotype	شاخص SIIG SIIG Index	رتبه SIIG SIIG Ranks	ژنوتیپ Genotype	شاخص SIIG SIIG Index	رتبه SIIG SIIG Ranks
G1	0.09	13	G9	0.49	8
G2	0.22	11	G10	0.03	14
G3	0.76	3	G11	0.76	2
G4	0.62	5	G12	0.51	7
G5	**0.96**	**1**	G13	0.35	9
G6	0.02	15	G14	0.52	6
G7	0.66	4	G15	0.19	12
G8	0.27	10			

بر این اساس ژنوتیپ شماره ٥ با مقدار SIIG معادل ٠/٩٦ برترین ژنوتیپ عدس بود و در مقابل ژنوتیپ ٦ از نظر این شاخص ضعیف‌ترین ژنوتیپ شناخته شد. زالی و همکاران (Zali *et al.*, 2015) از شاخص SIIG برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌های کلزا استفاده کردند و برای آماره‌های پارامتری و ناپارامتری پایداری، این شاخص را محاسبه نموده و بر مبنای آن ژنوتیپ پایدار را مشخص نمودند. این شاخص به کمک سایر روش‌های آماری در شناسایی ژنوتیپ‌ها با عملکرد پایدار مؤثر بوده است به‌طوری که در مطالعات مختلف از آن استفاده شده است. در پژوهشی که جهت تعیین ژنوتیپ‌های با میانگین و پایداری عملکرد بالا با استفاده از محاسبه پارامتر SIIG و تجزیه AMMI در هشت محیط انجام شد، ژنوتیپ‌های شماره ١٠، ١١ و ١٢ به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی شدند (Namdari, *et al.* 2025). قلی زاده و همکاران (Gholizade *et al.*, 2025)، در بررسی اثر متقابل ژنوتیپ محیط و پایداری عملکرد دانه هیبریدهای جدید آفتابگردان، ژنوتیپ‌های با عملکرد پایدار و با شاخص SIIG، بالا را معرفی نمودند؛ بنابراین این شاخص برای تمایز ژنوتیپ‌ها در گیاهان مختلف استفاده شده است. نتایج این تحقیق نیز نشان داد که این شاخص می تواند ژنوتیپ با عملکرد بالا را مشخص نماید و نتایج سایر روش‌های بکار برده شده برای انتخاب مناسب ترین ژنوتیپ را تایید نماید.

به‌طور کلی نتایج پژوهش حاضر نشان داد که ژنوتیپ‌های عدس از نظر اغلب صفات مورد بررسی با هم اختلاف معنی‌داری داشته و دارای تنوع ژنتیکی مطلوبی هستند. صفات تعداد غلاف دو بذری، وزن خشک تک‌بوته و تعداد دانه در غلاف بیشترین میزان وراثت‌پذیری را داشتند. روش‌های آماری چندمتغیره مختلف و همچنین شاخص SIIG ژنوتیپ یکسانی به‌عنوان ژنوتیپ برتر شناسایی نمودند؛ بنابراین نتایج به‌دست آمده در این خصوص با اطمینان بالاتری مورد استناد است.

References

Akbari, S., Akbarpour, O. and Pezeshkpour, P. (2021). Evaluation of genetic varietion and grain yield stability of lentil genotypes using non-parametric methods. Plant Genetic Research, 8(1): 95-114 (In Persian). https://doi.org/10.52547/pgr.8.1.7

Akbari, L., Khodabashi Elami, M. and Houshmand, S. (2014). Genetic parameters of seed yield, yield components and plant height in lentil. Seed and Plant Improvement Journal, 1: 584-573 (In Persian).

Correa, A.M,, Teaodoro, P.E., Gonsalves, M.C., Santos, A. and Torres, F.E. (2016). Selection of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes using a genotype plus genotype x environment interaction biplot. Genetics and Molecular Research, 15(3): 2-9. https://doi.org/10.4238/gmr.15038427

Darai, R., Sarker, A., Sah, R.P., Pokhrel, K. and Chaudhary, R. (2017). AMMI Biplot analysis for genotype × environment interaction on yield trait of high fe content lentil genotypes in terai and mid-hill environment of Nepal. Annals of Agricultural & Crop Sciences, 2(1): 1026. https://doi.org/10.26420/annagriccropsci.2017.1026

Gabriel, K.R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometrika, 58: 453-467. https://doi.org/10.1093/biomet/58.3.453

Ghaffari, P., Talebi, R. and Keshavarz, F. (2014). Genetic diversity and geographical differentiation of Iranian landrace, cultivars and exotic chickpea lines as revealed by morphological and microsatellite markers. Physiology and Molecular Biology of Plants, 20: 225-233. https://doi.org/10.1007/s12298-014-0223-9

Gholizadeh, A., Ghaffari, M., Rezaeizad, A. and Nadali, F. (2025). Studying the genotype×environment interaction and seed yield stability of new sunflower hybrids. Plant Genetic Research, 11(2): 65-82 (In Persian). https://doi.org/10.22034/pgr.2024.11.2.5

Jamshidi, H. (2017). Stability Analysis of Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes by the AMMI and GGE Biplot. Ms. Thesis. Faculty of Agriculture. Razi University, Iran (In Persian).

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

Joshi, M., Adhikari, B., Panozzo, J. and Aldren, P. (2010). Water uptake and its impact on the texture of lentils (*Lens culinaris*). Journal of Food Engineering, 100: 61-69. https://doi.org/10.1016/j.jfoodeng.2010.03.028

Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghnia, N., Mahmoodi, A.A., Roustami, B., Seyyedi, F. and Akbari, F. (2013). GGE biplot analysis of yield stability in multienvironment trials of lentil genotypes under rainfed condition. Notulae Scientia Biologicae, 5(2): 256-262. https://doi.org/10.15835/nsb529067

Karimizadeh, R., Pezeshkpour, P., Mirzaei, A. and Sharifi, P. (2021). Evaluation of seed yield stability of lentil genotypes using GGE Biplot and AMMI analysis. Seed and Plant Journal, 36(4): 421-438 (In Persian).

Kempton, R.A. (1984). The use of biplot in interpreting variety by environment interaction. Journal of Agricultural Science, 122: 335-342.

Khazaei, H., Caron, C.T. and Fedoruk, M. (2016). Genetic diversity of cultivated lentil (*Lens culinaris* Medik.) and its relation to the World's agro-ecological zones. Frontiers in Plant Science, 7: 1-7. https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01093

Kumar, S., Srivastava, S.B.L., Malik, I.P.S. and Kumar, R. (2012). Grouping of Lentil (*Lens culinaris* Medik.) genotypes using non-hierarchica cluster analysis. Legume Research, 35(3): 239-242.

Mazinani, M.A., Moghaddam, M., Alavikia, S.S., Shakiba, M.R., Mehrabi, A.A. and Pouraboughaddareh, A.R. (2012). Study of genetic diversity in *T. boeoticum* populations under normal and water deficit stress conditions. Cereal Research, 2(1): 17-30 (In Persian).

Mohammadi, S.A. (2006). Molecular data analysis from the perspective of genetic diversity. 9th Iranian Congress of Agricultural Sciences and Plant Breeding. Tehran, Iran (In Persian).

Morris, C.F., Campbell, K.G. and King, G.E. (2004). Characterization of the end-use quality of soft wheat cultivars from the eastern and western U.S. germplasm pools. Plant Genetic Resources, 2: 59-69 (In Persian). https://doi.org/10.1079/PGR200435

Namdari, A., Pezeshkpoor, P., Barzali, M., Mehraban, A., Mirzaie, A. and Haghpanah, M. (2025). Evaluation of Grain Yield Stability of Lentil Genotypes using Non-Parametric Statistics and AMMI Analysis. Iranian Journal Pulses Research, 16(1): 131-143 (In Persian). https://doi.org/10.61186/jcb.16.4.1

Narouie Rad, M.R., Aghaie, M.J., Fanaie, H.R. and Ghasemie, M. (2008). Genetic variation in some phenological and morphological traits masses of hot and dry lentils. Journal of Research and Development, 78(4): 40-48 (In Persian).

Nouri Goghari, M., Dashti, H., Madah Hosseini, S. and Dehghan, E. (2014). Evaluation of genetic diversity of lentil germplasm using morphological traits in Bardsir. Iranian Journal of Field Crop Science, 45(4): 541-551 (In Persian).

Pezeshkpour, P. and Afkar, S. (2024). Estimation of selection criteria in Lens culinaris under dryland Condition. Plant Production and Genetics, 4(2): 243-254 (In Persian).

Pezeshkpour, P., Amiri, R., Karami, I. and Mirzaei, A. (2024a). Grain Yield Stability Analysis of Lentil Genotypes by AMMI Indices. Journal of Crop Breeding, 16(4): 1-12 (In Persian). https://doi.org/10.61186/jcb.16.4.1

Pezeshkpour, P., Amiri, R., Karami, I. and Mirzaei, A. (2024b). Genetic parameters, stability and selection of lentil genotypes under rainfed conditions for autumn planting using BLUP, WAASB and AMMI methods. Plant Production and Genetics, 5(2): 183-200 (In Persian). https://doi.org/10.22034/plant.2024.140969.1088

Porasmaeil, M., Qhanavati, F. and Beizaei, A. (2012). Interspecific variation of morphological traits in *Lens nigricans*, *L. ervoides* and *L. odemensis* wild lentil species. Seed and Plant Journal, 28(4): 545-562. (In Persian).

Ramzi, E., Asghari, A., Khomari, S. and Mohammad doust Chamanabad, H. (2018). Investigation of durum wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. durum Desf) lines for tolerance to aluminum stress condition. Journal of Crop Breeding, 10: 63-72. (In Persian). https://doi.org/10.29252/jcb.10.25.63

Saeed, A., Hovsepyan, H. and Darvishzadeh, R. (2011). Genetic diversity of Iranian accessions, improved lines of chickpea (*Cicer arietinum* L.) and their wild relatives by using simple sequence repeats. Plant Molecular Biology Reporter, 29: 848-858. https://doi.org/10.1007/s11105-011-0294-5

Setimela, P.S., Vivek, B., Banziger, M., Crossa, J. and Maideni, F. (2007). Evaluation of early to medium maturing open pollinated maize varieties in SADC region using GGE biplot based on the SREG model. Field Crops Research, 103: 161-169. https://doi.org/10.1016/j.fcr.2007.05.010

Sultana, T., Ghafoor, A. and Ashra, F. M. (2005). Genetic divergence in lentil germplasm for botanical descriptors in relation with geographic origin. Pakistan Journal of Botany, 37: 61-69.

Turk, Z. and Kendal, E. (2017). The practice of AMMI and GGE biplot analysis of lentil genotypes assessment in multi-environment trials. Philippine Journal of Crop Science, 42(3): 39-48.

Tyagi, S.D. and Khan, M.H. (2011). Correlation, path-coeffivient and genetic diversity in lentil (*Lens culinaris* Medik) under rainfed conditions. International Research Jouranal of Plant Science, 2(7): 191-200.

Yan, W., Hunt, L.A., Sheny, Q. and Szlavnics, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Science, 40: 597- 605. https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x

Yan, W. (2001). GGE Biplot-A Windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data, Agronomy Journal, 93: 1111-1118. https://doi.org/10.2134/agronj2001.9351111x

Yan, W. and Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of sites and trait relations of soybean in Ontario, Crop Science, 42: 11-20. https://doi.org/10.2135/cropsci2002.1100

Yin, Y.Q., Ma, D.Q. and Ding, Y. (2003). Analysis of genetic diversity of hordein in wild close relative of barley from Tibet. Theorical and Applied Genetics, 107: 837-842. https://doi.org/10.1007/s00122-003-1328-7

Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asghari, A. and Hoseini, S.M. (2015). Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique, Introduction of new method. Biological Forum, 7: 703-711.