

## تحقیقات غلات

دوره هشتم / شماره سوم / پاییز ۱۳۹۷ (۳۴۴-۳۳۳)

# بررسی پایداری عملکرد لاین‌های امیدبخش گندم نان با استفاده از روش‌های

## چندمتغیره

محسن اسماعیل‌زاده<sup>۱</sup>، سیروس طهماسبی<sup>۲</sup>، غلام‌عباس لطفعلی آینه<sup>۳</sup>، حسین اکبری مقدم<sup>۴</sup>، خلیل محمودی<sup>۵</sup>،  
منوچهر سیاح‌فر<sup>۶</sup>، سیدمحمود طبیب غفاری<sup>۷</sup> و حسن زالی<sup>۸\*</sup>

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۶/۲۵

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۳/۲۸

### چکیده

به منظور مطالعه پایداری لاین‌های امیدبخش گندم نان، آزمایشی با تعداد ۱۶ لاین به همراه دو رقم شاهد چمران و افلاک به مدت دو سال زراعی در شش ایستگاه تحقیقاتی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار انجام شد. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که به ترتیب ۸۰/۹، ۳/۲ و ۱۵/۹ درصد از کل تغییرات مربوط به اثر محیط، اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ و محیط بود. نتایج مدل آثار اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI) نشان داد که چهار مولفه اصلی مدل AMMI معنی‌دار بودند و ۷۸/۴ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند. هم‌چنین مدل AMMI نشان داد که لاین‌های S-91-9، S-91-14، S-91-13 و S-91-15 به علت داشتن میانگین عملکرد بالاتر از میانگین کل، می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌هایی با پایداری بیش‌تر انتخاب شوند. بر مبنای مدل AMMI2، لاین S9-91-13 یکی از پایدارترین لاین‌ها بود. مدل ضرب‌پذیر تغییر یافته (SHMM) که بر اساس آن محیط‌های با حداقل اثر متقاطع در یک گروه قرار می‌گیرند، محیط‌های مورد مطالعه را به سه گروه تفکیک کرد. گروه اول شامل داراب (هر دو سال)، ایرانشهر (سال اول)، خرم‌آباد (هر دو سال) و دزفول (سال اول)، گروه دوم شامل دزفول (سال دوم)، اهواز (هر دو سال)، زابل (سال دوم) و ایرانشهر (سال دوم) و گروه سوم فقط شامل زابل (سال اول) بود. به نظر می‌رسد قرار گرفتن داراب و خرم‌آباد در هر دو سال در یک گروه نشان‌دهنده مشابهت نسبی این دو ایستگاه و حاکی از برهمکنش افزایشی یا غیرکراس‌وری است. در مجموع، لاین S-91-13 با داشتن عملکرد و پایداری عمومی بالا، لاین برتر این آزمایش بود که برای مطالعات تکمیلی جهت معرفی به عنوان رقم تجاری جدید انتخاب شد.

### واژه‌های کلیدی: بای‌پلات، تجزیه پایداری، مدل AMMI، مدل SHMM

- ۱- دانشیار پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
  - ۲- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران
  - ۳- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خوزستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اهواز، ایران
  - ۴- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی سیستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زابل، ایران
  - ۵- محقق فقید بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی بلوچستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایرانشهر، ایران
  - ۶- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران
  - ۷- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی صفی‌آباد دزفول، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، دزفول، ایران
  - ۸- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران
- \* نویسنده مسئول: [hzali90@yahoo.com](mailto:hzali90@yahoo.com)

## مقدمه

گندم نان اصلی‌ترین محصول زراعی است که به دلیل تنوع ژنتیکی بالا و سازگاری با محیط‌های مختلف، از تنوع ارقام بالایی برخوردار است (Mondal *et al.*, 2016). پیش‌بینی می‌شود برای تأمین نیاز جهانی، تولیدگندم تا سال ۲۰۵۰ نسبت به سال ۲۰۱۰ حدود ۶۰ درصد افزایش داشته باشد. سهم بالایی از این افزایش بایستی از طریق افزایش عملکرد دانه در واحد سطح حاصل شود. برای رسیدن به این هدف، تا سال ۲۰۵۰ عملکرد دانه باید در سطح جهانی سالانه حدود ۱/۶ درصد افزایش یابد (Lucas, 2013). بنابراین اصلاح کنندگان گندم باید به دنبال اصلاح و تولید لاین‌هایی با عملکرد بالا و پایدار باشند.

به‌علت وجود برهمکنش ژنوتیپ × محیط، ارزیابی ارقام جدید در محیط‌های مختلف توسط اصلاح‌گران یک ضرورت محسوب می‌شود. محققین، معیارهای پارامتری و ناپارامتری متفاوتی را جهت تشخیص پایداری ارقام و معرفی آن‌ها به کار برده‌اند (Farshadfar *et al.*, 2012) که یکی از آن‌ها مدل AMMI (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction) است که در آن تجزیه واریانس و تجزیه به مولفه‌های اصلی در یک تجزیه واحد ترکیب می‌شوند. پاسخ و واکنش یک ژنوتیپ در چند محیط مختلف ممکن است در یک فضای چندبعدی توصیف و بنابراین تفسیر آزمایش‌های یکنواخت سراسری عملکرد ساده‌تر شود و ارتباط پیچیده و مرکب بین مکان‌ها، ژنوتیپ‌ها و یا بین هر دو با دقت توسط یک دیاگرام پراکنش توضیح داده شود (Gauch, 1992; Gauch and Zobel, 1996). از مدل AMMI در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در گیاهان مختلف مانند نخود زراعی (Zali *et al.*, 2012)، گندم دوروم (Aghaee, 2012; Sarbarzeh *et al.*, 2012)، گندم نان (Safavi and Bahraminejad, 2013; Roostaei *et al.*, 2014) و برنج (Zali *et al.*, 2016; Sharifi *et al.*, 2017) استفاده شده است.

در یک برنامه اصلاحی هنگامی که برهمکنش از نوع غیرمقاطع (Non-crossover) باشد، می‌توان آن را نادیده گرفت و تنها بر پایه عملکرد داوری کرد. اما اگر برهمکنش از نوع مقاطع (Crossover interaction) باشد، می‌بایست اثرگذاری ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ × محیط را به‌طور هم‌زمان در نظر گرفت و نباید فقط تأثیر ژنوتیپ را مورد توجه قرار داد (Yan and Kang, 2003). مدل ضرب‌پذیر

تغییر یافته یا SHMM (Shifted Multiplicative Model) و مدل رگرسیون محیطی یا SERG (Site Regression) به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها معرفی شد (Seyedsadr and Cornelius, 1992). روش SHMM قابلیت بالایی در تشخیص برهمکنش غیرمقاطع از مقاطع دارد، اما در روش SREG برای ارزیابی پایداری از واریانس ژنوتیپی و برهمکنش ژنوتیپ × محیط استفاده می‌شود و افزون بر تعیین ژنوتیپ‌های برتر، گروه‌بندی محیط‌ها نیز انجام می‌شود (Yan and Kang, 2003). استفاده از مدل SHMM در بسیاری از تحقیقات به‌منظور دسته‌بندی محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها گزارش شده است (Cornelius *et al.*, 1992; Crossa and Cornelius, 1993; Navabi *et al.*, 2006; Karimizadeh and Mohammadi, 2015).

کورنلیوس و همکاران (Cornelius *et al.*, 1993) در بررسی ۴۱ ژنوتیپ گندم در هفت مکان با استفاده از مدل SHMM، نه گروه مختلف ژنوتیپی را شناسایی کردند که شش ژنوتیپ در هیچ گروهی قرار نگرفت. در تحقیق دیگری پایداری و سازگاری تعدادی از ژنوتیپ‌های گندم دوروم در پنج مکان با استفاده از مدل‌های AMMI و SHMM انجام شد. نتایج نشان داد که مکان‌ها با استفاده از مدل SHMM در دو گروه قرار گرفتند و این گروه‌بندی تا حد قابل توجهی تابع رفتار ژنوتیپ‌ها از جنبه پایداری و سازگاری با مکان‌های مورد بررسی بود (Shariftabar *et al.*, 2015). در پژوهش دیگری از مدل‌های SHMM و SREG برای شناسایی مناطق و تمایز ژنوتیپ‌های گندم نان از نظر عملکرد بر اساس داده‌های ۹۶۳ آزمایش انجام‌شده در بیست سال و چند مکان استفاده شد. نتایج این پژوهش، مکان‌های مورد بررسی را در چهار گروه دسته‌بندی کرد که گروه اول شامل مکان‌هایی در امریکای جنوبی، غرب آسیا و مدیترانه، گروه دوم شامل مکان‌های گرم در جنوب و شرق آسیا، گروه سوم شامل مکان‌های با بارش بیش‌تر در جنوب امریکا و شرق آفریقا و گروه چهارم شامل مکان‌های سرد در جنوب امریکا و غرب آسیا بود (Threthowan *et al.*, 2003).

هدف از این تحقیق، بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط لاین‌های امیدبخش گندم نان از طریق مدل‌های AMMI و SHMM و شناسایی و معرفی لاین‌های دارای عملکرد اقتصادی و پایدار جهت معرفی و کشت در مناطق مختلف اقلیم‌های گرم و خشک و شناسایی مناطق مطلوب بود.

## مواد و روش‌ها

مواد گیاهی این تحقیق، شانزده لاین امیدبخش گندم نان، که از آزمایش‌های مقایسه عملکرد لاین‌های پیشرفته گندم اقلیم گرم و خشک کشور در سال زراعی ۹۱-۱۳۹۰ انتخاب شده بودند (جدول ۱)، به همراه دو رقم شاهد گندم نان (چمران و افلاک) بود که در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در ایستگاه‌های تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی داراب، اهواز، خرم‌آباد، دزفول، ایرانشهر و زابل به مدت دو سال (۹۲-۱۳۹۱ و ۹۳-۱۳۹۲) مورد ارزیابی قرار گرفتند. مشخصات مکان‌های مورد بررسی در جدول ۲ ارائه شده است. ارقام و لاین‌های مورد بررسی در اواخر آذر در شش خط به طول شش متر (۷/۲ مترمربع) به فاصله ۲۰ سانتی‌متر از هم دیگر کشت و به صورت نشتی آبیاری شدند. میزان بذر مصرفی ۴۵۰ دانه در متر مربع و با در نظر گرفتن وزن هزار دانه برای هر لاین تعیین شد. قبل از برداشت نیم متر از ابتدا و انتهای هر کرت حذف و بقیه (۶ مترمربع) برداشت شد. در طول فصل زراعی، کلیه عملیات زراعی مرسوم انجام شد. برای مبارزه با علف‌های هرز پهن‌برگ و نازک‌برگ از روش مکانیکی و نیز از علف‌کش در مرحله پنجه‌زنی تا ساقه‌رفتن استفاده شد.

در این تحقیق از روش‌های چندمتغیره AMMI و SHMM به منظور بررسی پایداری عملکرد ارقام و لاین‌ها استفاده شد. در مدل AMMI تجزیه واریانس و مولفه‌های اصلی در یک تجزیه واحد ترکیب می‌شوند. مدل تجزیه AMMI به صورت زیر است (Gauch, 1992; Gauch, 1992; Zobel, 1996):

$$Y_{ger} = \mu + \sigma_g + \beta_e + \sum_{n=1}^N \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger} \quad (1)$$

در مدل AMMI بخش جمع‌پذیر از تجزیه واریانس معمولی به دست می‌آید و بخش ضرب‌پذیر از مولفه‌های اصلی به منظور تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط به یک تا N محور مولفه اصلی استفاده می‌کند. در این رابطه،  $Y_{ger}$  عملکرد ژنوتیپ g در محیط e و تکرار  $\mu$  میانگین کل،  $\sigma_g$  اثر اصلی ژنوتیپ (اختلاف میانگین یک ژنوتیپ از میانگین کل ژنوتیپ‌ها)،  $\beta_e$  اثر اصلی محیط (اختلاف میانگین یک محیط از میانگین کل محیط‌ها)،  $\lambda_n$  یک مقدار منفرد برای محور مولفه اصلی n است که برابر با مقدار ویژه (Eigen value) مربوط به همان مولفه اصلی است، N تعداد محورهای PCA (Principal Component Analysis) باقیمانده در مدل AMMI است،  $\gamma_{gn}$  بردار ویژه (Eigen

vector) ژنوتیپ g از n مولفه اصلی برهمکنش (IPCA; Interaction Principal Component Analysis),  $\delta_{en}$  بردار ویژه محیط e از n مولفه اصلی برهمکنش،  $\rho_{ge}$  جزء مربوط به باقیمانده (Residual) و  $\varepsilon_{ger}$  جزء مربوط به خطا (در صورتی که آزمایش تکرار داشته باشد) است (Gauch and Zobel, 1996).

به منظور تعیین مولفه‌های اصلی موثر لازم برای مدل و به دست آوردن بهترین مدل در AMMI از میانگین مربعات اختلاف پیش‌بینی (RMSPD; Root Mean Square Predictive Difference) استفاده شد. کم‌ترین مقدار RMSPD نشانگر قابل پیش‌بینی‌تر بودن مدل است (Ebdon and Gauch, 2002). این عمل ۱۰۰۰ مرتبه (با انتخاب تکرارها به طور تصادفی) انجام شد و در نهایت میانگین RMSPD محاسبه و بر اساس کم‌ترین مقدار آن، بهترین مدل تعیین شد.

در روش‌های معمول تجزیه واریانس، از آزمون F برای معنی‌دار بودن منابع تغییرات استفاده می‌شود. با وجود این، این روش‌ها به شرط نرمال بودن و مستقل بودن، برای مدل‌های خطی صحیح هستند. اما چون روش AMMI، مدل کاهشی است (یعنی تمام مولفه‌های اصلی و در نتیجه ریشه‌های مشخصه مربوطه در نظر گرفته نمی‌شود)، ریشه‌های مشخصه توزیع  $\chi^2$  ندارند و باید آزمون F را تصحیح کرد (Gauch, 1992). بنابراین، برای تخمین مناسب آثار ضرب‌پذیر، آزمون‌های FGH1 و FGH2 برای مدل‌های AMMI یا هر مدل ضرب‌پذیر دیگر مثل تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه تشخیص انجام می‌شود (Cornelius et al., 1993). در این تحقیق برای محاسبه FGH1 و RMSPD از برنامه نوشته شده در نرم‌افزار SAS (Akbarpour et al., 2014) استفاده شد.

برای محاسبه پایداری ژنوتیپ‌ها از پارامتر پایداری (AMMI Stability Parameter) ASP بر اساس رابطه (۲) استفاده شد:

$$ASP_k = \sqrt{\sum_{k=1}^N \frac{SS(IPC_k)}{SS(GEI)} \times IPC_k} \quad (2)$$

در این رابطه،  $SS(IPC_k)$  مجموع مربعات مولفه اصلی k،  $SS(GEI)$  مجموع مربعات برهمکنش ژنوتیپ × محیط،  $IPC_k$  مولفه اصلی برهمکنش k و  $N$  تعداد مولفه‌های اصلی برهمکنش معنی‌دار در مدل AMMI است. در واقع  $ASP_k$  را می‌توان هم برای محاسبه دو مولفه اصلی و هم برای تمام مولفه‌های معنی‌دار در مدل AMMI استفاده کرد.

ژنوتیپ  $i$  در محیط  $j$ ،  $\gamma_{i2}$  و  $\delta_{j2}$  اثر ثانویه ژنوتیپ  $i$  در محیط  $j$  و غیره و  $\rho_{ij}$  باقی مانده غیر قابل توضیح به وسیله مولفه های اولیه، ثانویه و غیره است.

در این تحقیق، برای مقایسه میانگین عملکرد ژنوتیپها از روش حداقل تفاوت معنی دار (LSD = Least Significant Different)، برای تجزیه SHMM و محاسبه آماره های RMSPD و  $F_{GH1}$  از نرم افزار SAS، برای تجزیه AMMI از نرم افزار Genstat و برای رسم نمودارها از نرم افزار STATISTICA 12 استفاده شد.

معادله مدل تجزیه SHMM با  $N$  مولفه ضرب پذیر، به منظور بررسی برهمکنش ژنوتیپ  $\times$  محیط به صورت زیر است (Seyedsadr and Cornelius, 1992):

$$\bar{Y}_{ij} = \beta + \sum_{n=1}^N \lambda_n \gamma_{in} \delta_{jn} + \rho_{ij} \quad (3)$$

در جدول دوطرفه با  $g$  ژنوتیپ و  $e$  محیط،  $\bar{Y}_{ij}$  میانگین ژنوتیپ  $i$  در محیط  $j$ ،  $\beta$  پارامتر تغییر (Shift parameter)،  $\lambda_n$  مقدار منفرد برای  $n$  مولفه؛  $\gamma_{i1}$  و  $\delta_{j1}$  به ترتیب اثر اولیه

جدول ۱- اسامی و شجره ارقام و لاین های امیدبخش گندم نان مطالعه شده در این تحقیق

Table 1. Name and pedigree of bread wheat cultivars and promising lines studied in this research

No. of lines	Code of lines	Pedigree of lines
G1	S-91-1	Chamran
G2	S-91-2	Bloudan/3/Bb/7c*2//Y50E/*3Kal/4/Arvand/5/Pishtaz
G3	S-91-3	Bloyka/4/Kal/Bb//Cj "s"/3/Hork "s"/5/Marvdasht
G4	S-91-4	Atrak/ HD 29
G5	S-91-5	Darab#2/ /Moghan1/ Falat
G6	S-91-6	Alvand//Aldan"s"/IAS58/3/Vee/Nac
G7	S-91-7	Moghan/3/Kauz*2/Opata//Kauz/4/Chamran
G8	S-91-8	Star "s" Swm 7215/3/P101/Anza//IRW01-066-49/4/Hirmand
G9	S-91-9	Star "s" Swm 7215/3/P101/Anza//IRW01-066-49/4/Hirmand
G10	S-91-10	GOMRIA-8//BOBWHITE #1/FENGGANG 15
G11	S-91-11	PBW343*2/KUKUNA/5/CNO79//PF70354/MUS/3/PASTOR/4/BAV92
G12	S-91-12	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
G13	S-91-13	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/VEE#7/BOW/4/PASTOR
G14	S-91-14	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
G15	S-91-15	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
G16	S-91-16	TILHI/5/PF74354//LD/ALD/4/2*BR12*2/3/JUP//PAR214*6/FB6631/6/ATILLA/2*PASTOR
G17	S-91-17	WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1
G18	S-91-18	Aflak

جدول ۲- مشخصات جغرافیایی و هواشناسی مکان های مورد آزمایش

Table 2. Meteorological and geographical characteristics of the experimental locations

Site	Altitude (m)	Latitude	Longitude	Average annual rainfall (mm)
Zabol	489	31°0'N	61°32'E	61
Ahvaz	22.5	31°20'N	48°40'E	213
Khoramabad	1148	33°30'N	48°25'E	509
Iranshahr	591	27°15'N	60°40'E	106
Darab	1107	28°50'N	54°30'E	248
Dezful	143	32°20'N	48°30'E	405

## نتایج و بحث

(جدول ۳). هر چند برهمکنش ژنوتیپ  $\times$  محیط، منبع اصلی تغییرات نیست، ولی ۵ برابر اثر ژنوتیپ بود که نشان دهنده امکان وجود محیط های بزرگ (Gauch and Zobel, 1996; Yan *et al.*, 2000) در آزمایشات مقایسه عملکرد گندم نان است. کم بودن اثر ژنوتیپ در توجیه تنوع موجود احتمالاً به این دلیل است که در برنامه های اصلاحی گندم نان در سال های گذشته ژنوتیپ های برتر از لحاظ عملکرد

نتایج تجزیه واریانس عملکرد دانه با استفاده از مدل AMMI نشان داد که اثر ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ  $\times$  محیط در سطح احتمال یک درصد معنی دار است. برهمکنش ژنوتیپ  $\times$  محیط ۱۵/۹ درصد از مجموع مربعات کل را به خود اختصاص داد، در حالی که این مقدار برای ژنوتیپ و محیط به ترتیب ۳/۲ درصد و ۸۰/۹ درصد بود

انتخاب شدند و این ژنوتیپ‌های برتر در آزمایش‌های چندمحیطی نسبت به محیط و برهمکنش ژنوتیپ × محیط نقش کم‌تری در توجیه تنوع موجود داشتند. قدرتی‌نیاری و عبدالشاهی (Ghodrati-Niari and Abdolshahi, 2014) در بررسی پایداری ۴۰ ژنوتیپ گندم نان بیان کردند که سهم ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ × محیط در توجیه میانگین مربعات کل به ترتیب ۱۵/۳، ۵۴/۲ و ۳۰/۵ درصد است. سهم بالای محیط در توجیه مجموع مربعات کل در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (Samont *et al.*, 2005; Shahmohammadi *et al.*, 2005; Fan *et al.*, 2007; Sabaghnia *et al.*, 2008; Rose *et al.*, 2008; Mohammadi *et al.*, 2016)

تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط بر مبنای مدل AMMI نشان داد که چهار مولفه اصلی برهمکنش در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند. این چهار مولفه حدود ۷۸ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند. عسگرنیا و همکاران (Asgarinia *et al.*, 2008) نیز در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در ژنوتیپ‌های گندم، از روش AMMI استفاده و بیان کردند که سه مولفه اول ۸۹ درصد از مجموع مربعات برهمکنش را توجیه کردند. اسماعیل‌زاده مقدم و همکاران (Esmailzadeh Moghaddam *et al.*, 2011) در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در ۲۰ ژنوتیپ گندم نان با استفاده از مدل AMMI، گزارش کردند که سهم سه مولفه اصلی در توجیه برهمکنش ۱۰۰ درصد است.

به‌منظور بررسی تعداد مولفه‌های اصلی برهمکنش معنی‌دار از آزمون F تصحیح شده یعنی F<sub>GH1</sub> استفاده شد

قابل پیش‌بینی‌تر بودن این مدل است. (جدول ۳). میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌همراه مقادیر چهار مولفه اصلی برهمکنش (IPCA<sub>k</sub>) و آماره‌های پایداری مدل AMMI (ASP<sub>2</sub> و ASP<sub>4</sub>) در جدول ۴ ارائه شده است. نتایج نشان داد که میانگین عملکرد لاین‌های مورد بررسی در دامنه‌ای بین ۵۴۷۵ تا ۶۳۱۵ با میانگین کل ۶۰۱۵ کیلوگرم در هکتار بود و لاین‌های S-91-3 و S-91-15 به ترتیب کم‌ترین و بیش‌ترین عملکرد دانه را تولید کردند. میانگین عملکرد لاین‌های S-91-6، S-91-9، S-91-13، S-91-14، S-91-15 و S-91-17 نیز از میانگین عملکرد ارقام شاهد چمران (S-91-1) و افلاک (S-91-18) بیش‌تر بود (جدول ۴).

پارامتر پایداری AMMI<sub>2</sub> (ASP<sub>2</sub>) نیز بر اساس دو مولفه اصلی اول برهمکنش محاسبه شد (جدول ۴). بر این اساس، لاین‌های S-91-13، S-91-4 و S-91-9 به ترتیب با کم‌ترین مقدار ASP<sub>2</sub> پایدارترین لاین‌ها بودند و لاین‌های S-91-10، S-91-3، S-91-14، S-91-6، S-91-15 و S-91-12 نیز در مرتبه بعدی پایداری قرار گرفتند. در مقابل، بر مبنای ASP<sub>2</sub> ژنوتیپ‌های S-91-5، S-91-1 و S-91-18 ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند.

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه لاین‌های امیدبخش گندم نان بر اساس مدل AMMI در شش محیط و دو سال (۹۳-۱۳۹۱)  
Table 3. Combined analysis of variance for grain yield of bread wheat promising lines in six environments and two years (2012-2014)

Source of variations	df	Sum of square	Mean square	Sum of square proportion	Noise	RMS PD	F <sub>GH1</sub>
Treatment (T)	215	1263433865	5876437***				
Genotype (G)	17	40487681	2381628***	3.2	0.192		
Environment (E)	11	1021755891	92886899***	80.9	0.004		
G × E	187	201190293	1075884***	15.9	0.426		
IPCA1	27	55114277	2041270***	27.4		779.7	2.58***
IPCA2	25	48816933	1952677***	24.3		761.1	2.49***
IPCA3	23	29758726	1293858***	14.8		766.2	1.67***
IPCA4	21	23853066	1135860***	11.9		764.0	1.49*
Residual	91	43643415	479598	21.7	0.217		
Error	648	297212087	458660.63				

\* and \*\*\*: Significant at 0.05 and 0.001 probability levels, respectively.

RMSPD: Root mean square predictive difference.

جدول ۴- مقادیر چهار مولفه اصلی و آماره‌های پایداری مدل AMMI برای لاین‌های امیدبخش گندم نان مطالعه شده در این تحقیق

Table 4. First four principal components and AMMI stability parameters for bread wheat promising lines

Code of lines	IPCA1	IPCA2	IPCA3	IPCA4	ASP2	Rank	ASP4	Rank	Yield
S-91-1	23.35	17.70	8.01	12.67	10.70	17	13.39	18	6119
S-91-2	12.39	9.59	3.50	9.05	5.73	11	7.32	5	6028
S-91-3	7.51	11.29	23.83	0.84	4.80	5	8.43	6	5475
S-91-4	8.82	4.03	9.45	16.01	3.40	2	6.70	3	5834
S-91-5	18.76	24.02	1.27	0.23	10.98	18	11.20	15	5999
S-91-6	17.01	3.42	15.49	8.14	5.49	7	8.75	8	6262
S-91-7	7.26	22.94	8.86	2.16	7.56	14	9.13	12	5963
S-91-8	4.48	22.65	0.91	24.42	6.73	12	9.78	14	5503
S-91-9	7.16	8.35	17.12	20.50	3.99	3	8.96	11	6131
S-91-10	15.59	1.32	1.87	0.80	4.59	4	4.96	2	5960
S-91-11	23.21	7.20	19.09	7.33	8.11	15	11.81	16	6115
S-91-12	10.85	10.91	16.24	4.87	5.62	9	8.61	7	6102
S-91-13	7.78	0.34	3.58	15.04	2.21	1	4.53	1	6252
S-91-14	8.15	12.19	3.71	8.55	5.20	6	6.76	4	6167
S-91-15	10.42	10.89	21.59	1.35	5.50	8	8.86	10	6315
S-91-16	21.98	5.06	8.75	1.98	7.25	13	8.78	9	5976
S-91-17	20.28	0.52	8.94	18.07	5.68	10	9.16	13	6176
S-91-18	9.16	27.94	9.97	12.03	9.30	16	12.21	17	5900

LSD<sub>0.05</sub> = 899 kg.ha<sup>-1</sup>

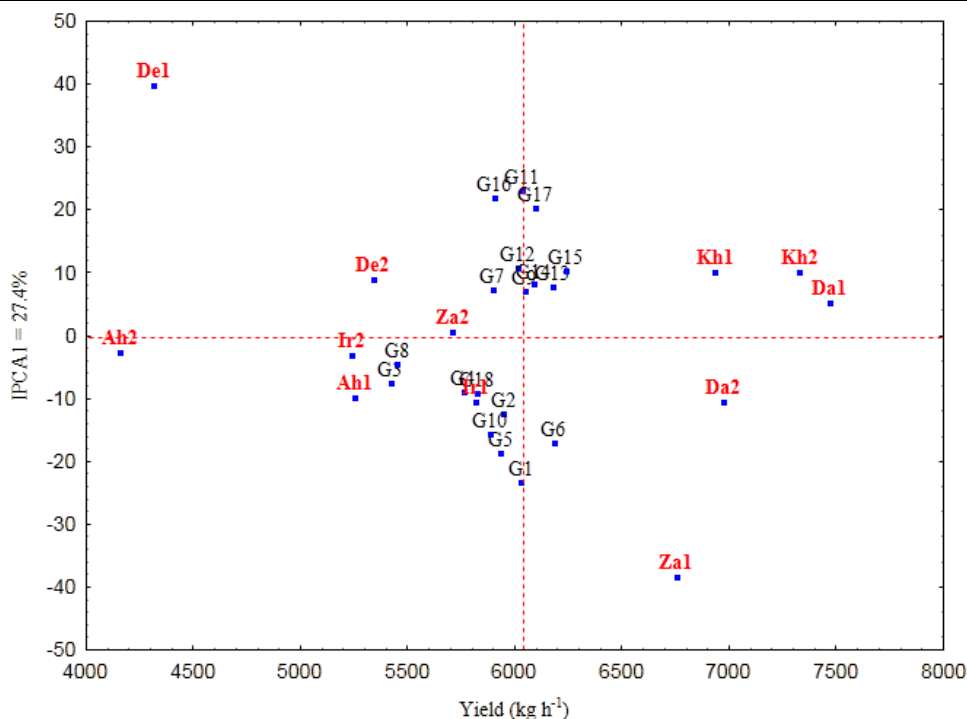
LSD<sub>0.01</sub> = 1178 kg.ha<sup>-1</sup>

Average yield = 6015 kg.ha<sup>-1</sup>

بررسی بای پلات (شکل ۱) نشان داد که ژنوتیپ‌های G1، G11، G16، G17، G5، G6، G10 و محیط‌های De1 (دزفول سال اول) و Za1 (زابل سال دوم) دارای برهمکنش بزرگ بودند. به عبارت دیگر، این دو محیط با توجه به مدل AMMI1، بیش‌ترین تأثیر را در برهمکنش داشتند. باید توجه داشت که محیط‌هایی ایده‌آل هستند که دارای برهمکنش بزرگ باشند، چون در این محیط‌ها تفاوت ارقام بهتر مشخص می‌شود. ولی در مورد ارقام هر چه برهمکنش کم‌تر باشد، یعنی ژنوتیپ مورد نظر کم‌تر تحت تأثیر محیط است و پایداری بیش‌تری دارد. ژنوتیپ‌هایی که در مرکز بای پلات قرار گرفته‌اند، برهمکنش نزدیک به صفر دارند و دارای پایداری عمومی هستند. بنابراین، ژنوتیپ‌های G8، G9، G10، G13، G14، G3، G4، G7 و G15 دارای برهمکنش کوچک بودند، ولی لاین‌های G9 (S-91-9)، G14 (S-91-14)، G13 (S-91-13) و G15 (S-93-15) به علت داشتن میانگین عملکرد بالاتر از میانگین کل می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌هایی با پایداری خوب از نظر مدل AMMI1 مورد توجه قرار گیرند (شکل ۱).

پارامتر پایداری AMMI4 (ASP4) که بر مبنای چهار مولفه اصلی اول معنی‌دار محاسبه شده است (جدول ۴)، نشان داد که لاین‌های S-91-10 و S-91-13 به ترتیب با کم‌ترین مقدار ASP4 پایدارترین و ژنوتیپ‌های S-91-1، S-91-18، S-91-11 و S-91-5 به ترتیب با بیش‌ترین مقدار ASP4 ناپایدارترین لاین‌ها بودند.

نمودار بای پلات میانگین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و مقادیر اولین مولفه اصلی برهمکنش ژنوتیپ × محیط تحت مدل AMMI1 در شکل ۱ ارائه شده است. محور افقی نشان‌گر میانگین عملکرد دانه بر حسب کیلوگرم در هکتار و محور عمودی مقادیر اولین مولفه اصلی (IPCA1) است. باید توجه داشت که ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که دارای مقادیر اولین مولفه اصلی بزرگ (مثبت یا منفی) باشند، برهمکنش بالایی دارند، در حالی که ژنوتیپ‌ها و محیط‌های واجد مقادیر اولین مولفه اصلی نزدیک به صفر دارای برهمکنش پایینی هستند. از طرفی ژنوتیپ‌ها و محیط‌های دارای اولین مولفه اصلی با علامت یکسان، برهمکنش مثبت ایجاد می‌کنند، در حالی که ترکیب مقادیر اولین مولفه اصلی با علامت‌های مخالف، برهمکنش منفی دارند (Kempton, 1984).



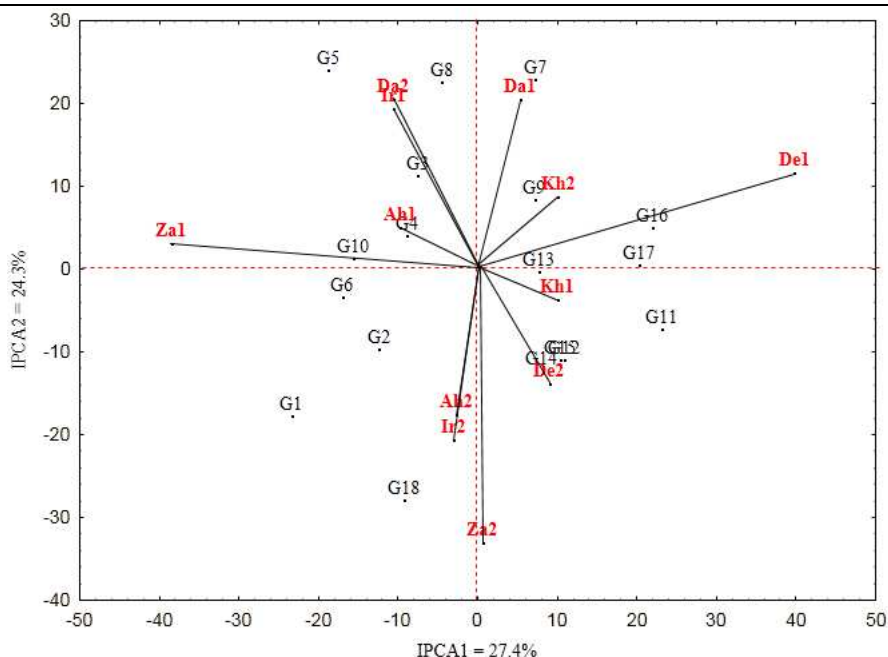
شکل ۱- نمودار بای پلات میانگین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و مقادیر اولین مولفه اصلی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در مدل AMMI1. Da, Ah, De, Za, Ir و Kh به ترتیب ایستگاه‌های داراب، زابل، دزفول، اهواز، خرم‌آباد و ایرانشهر و اعداد ۱ و ۲ به ترتیب سال اول (۹۲-۱۳۹۱) و دوم (۹۳-۱۳۹۲) مطالعه هستند.

Figure 1. Biplot graph of the genotypes and environmental means and first two main components of genotype × environment interaction in AMMI1 model. Da, Za, De, Ah, Kh and Ir are Darab, Zabol, Dezful, Ahvaz, Khoramabad and Iranshahr stations, respectively, and the number of 1 and 2 are the first (2012-2013) and the second years (2013-2014), respectively.

کیلوگرم در هکتار)، ژنوتیپی با سازگاری عمومی خوب شناخته شد. لاین‌های G7، G8 و G5 نیز بیش‌ترین سازگاری خصوصی را با منطقه داراب و لاین‌های G9 و G13 بیش‌ترین سازگاری خصوصی را با منطقه خرم‌آباد داشتند (شکل ۲).

تجزیه و تحلیل برهمکنش ژنوتیپ × محیط با استفاده از مدل SHMM انجام شد. ماتریس فاصله بین محیط‌ها بر اساس مدل SHMM در جدول ۵ ارائه شده است. میانگین فاصله بین مشاهدات ۲۷۷۹۱۷۲ بود. مراحل دسته‌بندی محیط‌ها شامل دسته‌های مشترک و معیار فاصله آن‌ها با استفاده از مدل SHMM نیز در جدول ۶ ارائه شده است. مطابق با جدول ۶، مقادیر فاصله محیط‌ها بین ۰/۳۲ تا ۲/۸۶ قرار دارد.

بای پلات مولفه‌های اصلی اول و دوم برهمکنش برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌های مورد بررسی نیز در شکل ۲ ارائه شده است (AMMI2). در واقع ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر اساس مقادیر مولفه‌های اصلی اول و دوم نقطه‌یابی شده‌اند. این بای پلات ۵۱/۷ درصد از اطلاعات مربوط به برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه می‌کند و سهم مولفه‌های اصلی اول و دوم در تفکیک ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به ترتیب ۲۷/۴ درصد و ۲۴/۳ درصد بود. با توجه به شکل ۲، لاین‌های G5، G1 و G18 برهمکنش بزرگ و ناپایدار داشتند. بیش‌ترین برهمکنش مربوط به زابل (Za1 و Za2) و (De1) (داراب سال اول) بود. لاین‌های G13، G4 و G9 نیز دارای برهمکنش کم و بنابراین دارای سازگاری عمومی بودند، ولی لاین G13 به علت داشتن میانگین عملکرد بالا (۶۲۵۲)



شکل ۲- نمودار بای پلات دو مولفه اصلی اول و دوم برهمکنش ژنوتیپ × محیط در مدل AMMI2. Da, Za, De, Ah, Kh و Ir به ترتیب ایستگاه‌های داراب، زابل، دزفول، اهواز، خرم‌آباد و ایرانشهر و اعداد ۱ و ۲ به ترتیب سال اول (۹۲-۱۳۹۱) و دوم (۹۳-۱۳۹۲) مطالعه هستند.

Figure 2. Biplot graph of two main components of genotype × environment interaction in AMMI2 model. Da, Za, De, Ah, Kh and Ir are Darab, Zabol, Dezful, Ahvaz, Khoramabad and Iranshahr station, respectively, and the number of 1 and 2 are the first (2012-2013) and the second (2013-2014) years, respectively.

جدول ۵- ماتریس فاصله بین ۱۲ محیط آزمایش بر مبنای ژنوتیپ‌های گندم نان مورد مطالعه

Table 5. Distance matrix of the 12 environments based on the studied bread wheat genotypes

Environment	Kh1	Kh2	Da1	Da2	De1	De2	Ir1	Ir2	Ah1	Ah2	Za1
Kh2	1857363										
Da1	2624457	2533527									
Da2	2749276	2535764	1970447								
De1	2761981	2852957	2127401	1315182							
De2	2247653	2337503	1216207	1343004	891805						
Ir1	2242581	2219954	2422105	2190407	2401831	2329241					
Ir2	2754668	2523859	3647957	1401570	2590231	2142836	1831332				
Ah1	2226166	1337670	2433550	2428387	2428686	1851760	2243708	2435954			
Ah2	2750128	2521220	6503452	2398109	3249677	2330705	2407556	3333644	2418270		
Za1	2883296	2516552	7787219	3162372	3277623	2346451	2373134	3715951	1933887	6970883	
Za2	2409388	2530692	7939998	1613231	2218688	2042274	2381218	2799371	2413254	5586711	7161401

Da, Za, De, Ah, Kh and Ir are Darab, Zabol, Dezful, Ahvaz, Khoramabad and Iranshahr stations, respectively, and the number of 1 and 2 are the first (2012-2013) and the second (2013-2014) years, respectively.

جدول ۶- مراحل دسته‌بندی محیطها با استفاده از روش SHMM

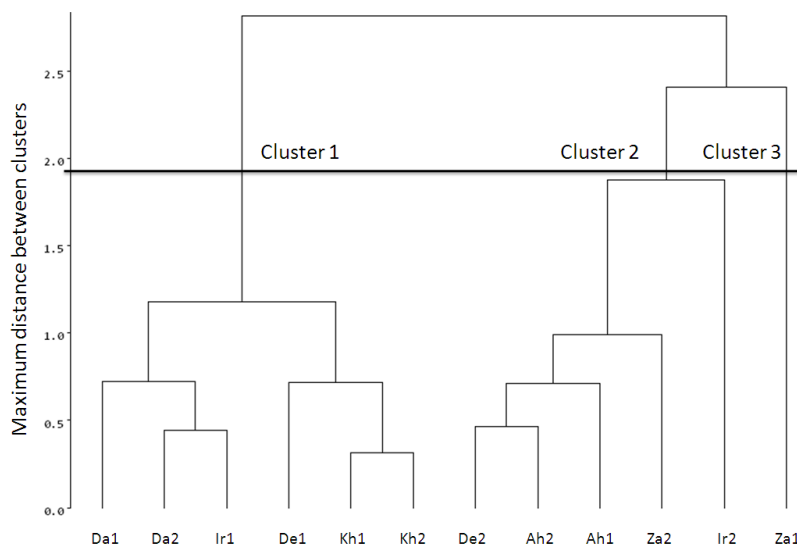
Table 6. Clustering steps of the environments by SHMM procedure

Step	Jointed clusters	No. of environment	Distance
11	S5 S6	2	0.3209
10	S2 S9	2	0.4813
9	S4 CL11	3	0.4832
8	S7 S8	2	0.6589
7	S3 CL9	4	0.7655
6	S1 CL10	3	0.801
5	CL6 S12	4	0.9106
4	CL5 CL8	6	1.0073
3	CL4 S10	7	2.0102
2	CL3 S11	8	2.5768
1	CL2 CL7	12	2.857



در مدل SHMM، گروه سوم فقط شامل Za1 (زابل سال اول) بود (شکل ۳) که نشان از اثرگذاری کراس‌آوری شدید با دیگر محیط‌ها به‌ویژه گروه اول است. همچنین در مدل AMMI1، محیط‌های Za (سال اول) و De (سال ۱) برهمکنش بزرگی را با سایر محیط‌ها نشان دادند (شکل ۱). در مجموع نتایج دسته‌بندی محیط‌ها بر اساس مدل SHMM، انطباق بیشتری با نتایج مدل AMMI1 نسبت به مدل AMMI2 نشان داد. انطباق نداشتن کامل نتایج برای مثال، الگوریتم‌های زیادی برای گروه‌بندی محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها وجود دارند که هر یک می‌توانند خوشه‌های متفاوتی ایجاد کنند. همچنین انواع مختلفی از شاخص‌های فاصله را می‌توان استفاده کرد که موجب به‌دست آمدن نتایج به‌طور کلی متفاوتی می‌شود. شاید هم بتوان سهم کم هر دو مؤلفه اول و دوم مدل AMMI در توجیه برهمکنش ژنوتیپ و محیط را یکی دیگر از علل عدم انطباق کامل نتایج مدل AMMI و SHMM دانست.

گروه‌بندی محیط‌ها بر مبنای مدل SHMM و قطع دندروگرام در نقطه ۱/۹ (جدول ۶)، سه گروه از محیط‌ها را مشخص کرد (شکل ۳). گروه اول شامل محیط‌های Da1 (داراب سال اول)، Da2 (داراب سال دوم)، Ir1 (ایرانشهر سال اول)، De1 (دزفول سال اول)، Kh1 (خرم‌آباد سال اول) و Kh2 (خرم‌آباد سال دوم) بود. با توجه به نمودار مدل AMMI1 (شکل ۱)، محیط‌های Da1 (داراب سال اول)، Da2 (داراب سال دوم)، Kh1 (خرم‌آباد سال اول) و Kh2 (خرم‌آباد سال دوم) در یک گروه قرار گرفتند. با توجه به مدل SHMM (شکل ۳)، De2 (دزفول سال دوم)، Ah1 (اهواز سال اول)، Ah2 (اهواز سال دوم)، Za2 (زابل سال دوم) و Ir2 (ایرانشهر سال دوم) در گروه دوم قرار گرفتند. از طرفی در مدل AMMI1 (شکل ۱)، De2 (دزفول سال دوم)، Ah1 (اهواز سال اول)، Ah2 (اهواز سال دوم)، Za2 (زابل سال دوم) و Ir2 (ایرانشهر سال دوم) در یک گروه قرار گرفتند. قرار گرفتن ایستگاه‌های دزفول، اهواز، زابل و ایرانشهر در سال دوم در گروه ۲ مدل SHMM احتمالاً نشان‌دهنده شرایط مشابه آب و هوایی در سال دوم اجرای این تحقیق می‌باشد.



شکل ۳- گروه‌بندی محیط‌های مورد بررسی بر اساس مدل SHMM

Figure 3. Classification of the studied environments based on SHMM model

است. این نتایج در مدل AMMI هم تأیید شد. در بین ایستگاه‌های مورد بررسی، ایستگاه داراب و خرم‌آباد از نظر ارتفاع از سطح دریا وضعیت مشابهی دارند که ممکن است یکی از دلایل مشابهت این دو ایستگاه نسبت به هم باشد. قرار گرفتن هر دو سال آزمایش داراب و خرم‌آباد در یک گروه نیز نشان‌دهنده قابلیت پیش‌بینی و تکرارپذیری بالاتر

محیط‌هایی که در یک گروه قرار گرفتند، از نظر مقادیر برهمکنش ژنوتیپ × محیط نزدیک به هم بودند. بر اساس مدل SHMM، محیط‌های با حداقل اثر متقاطع در یک گروه قرار می‌گیرند. به‌نظر می‌رسد که قرار گرفتن داراب و خرم‌آباد در یک گروه نشان‌دهنده مشابهت نسبی این دو ایستگاه و حاکی از برهمکنش افزایشی یا غیرکراس‌آوری

ژنوتیپ پایدار و پرمحصول انتخاب و برای مراحل بعدی تحقیقات یعنی بررسی مقاومت به بیماری‌ها و ویژگی‌های کیفی جهت تهیه نان معرفی شد. لاین‌های S-91-7، S-91-8 و S-91-5 نیز بیش‌ترین سازگاری خصوصی را با منطقه داراب و لاین‌های S-91-9 و S-91-13 بیش‌ترین سازگاری خصوصی را با خرم‌آباد نشان دادند. بنابراین، معرفی این لاین‌ها بعد از انجام طرح‌های تحقیقی-ترویجی برای این دو منطقه توصیه می‌شود. روش SHMM نیز یک روش مناسب برای دسته‌بندی محیط‌ها و مکان‌های مورد آزمایش است. همچنین، نتایج این تحقیق نشان داد که کم‌ترین و بیش‌ترین برهمکنش متقاطع بین ژنوتیپ‌ها در دو سال اجرای آزمایش به‌ترتیب در خرم‌آباد و ایرانشهر مشاهده شد.

این دو ایستگاه نسبت به سایر ایستگاه‌ها می‌باشد. از روش SHMM اولین بار توسط کورنلیوس و همکاران (Cornelius *et al.*, 1992) به‌منظور گروه‌بندی محیط‌های بدون برهمکنش متقاطع استفاده شد. در تحقیقی که جهت بررسی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم نان در مناطق گرم و خشک و نیز دسته‌بندی محیط‌های مورد بررسی انجام شد، از روش SHMM استفاده و گزارش شد که ایستگاه‌های اهواز، ایرانشهر، داراب و خرم‌آباد در گروه یک و دزفول و زابل در گروه دو قرار گرفتند (Esmaeillzadeh Moghadam *et al.*, 2011).

### نتیجه‌گیری کلی

در مجموع بر مبنای مدل‌های AMMI1 و AMMI2، لاین S-91-13 با عملکرد بالاتر از متوسط کل به‌عنوان

### References

- Aghaee-Sarbarzeh, M., Dastfal, M., Farzadi, H., Andarzian, B., Shahbazpour-Shahbazi, A., Bahari, M. and Rostami, H. 2012. Evaluation of durum wheat genotypes for yield and yield stability in warm and dry areas of Iran. *Seed and Plant Improvement Journal* 2: 315-325. (In Persian with English Abstract).
- Akbarpour, O., Dehghani, H., Sorkhi, B. and Gauch-Jr, H. G. 2014. Evaluation of genotype  $\times$  environment interaction in barley (*Hordeum vulgare* L.) based on AMMI model using developed SAS program. *Journal of Agricultural Science and Technology* 16 (4): 909-920.
- Asgarinia, P., Saedi, G. A. and Rezaee, A. M. 2008. Pattern analysis of genotype by environment interaction on grain yield in wheat using AMMI multivariate method. *Electronic Journal of Crop Production* 2 (2): 75-90. (In Persian with English Abstract).
- Crossa, J. and Cornelius, P. L. 1993. Recent developments in multiplicative models for cultivar trials. In: Buxton, D. R., Shibles, R., Forberg, R. A., Blad, B. L., Asay, K. H., Paulsen, G. M. and Wilson, R. F. (Eds.). *International Crop Science I. Crop Science Society of America, Madison, Wisconsin*. pp: 571-577.
- Cornelius, P. L., Seyedsadr, M. and Crossa, J. 1992. Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials. *Theoretical and Applied Genetics* 84: 161-172.
- Cornelius, P., Van-Sanford, D. A. and Seyedsadr, M. S. 1993. Clustering cultivars into groups without rank change interactions. *Crop Science* 33: 1193-1200.
- Ebdon, J. S. and Gauch, H. G. 2002. AMMI analysis of national turfgrass performance trials. II. Cultivar recommendations. *Crop Science* 42: 497-506.
- Esmaeilzadeh-Moghaddam, M., Zakizadeh, M., Akbari-Moghaddam, H., Abedini-Esfahlani, M., Sayyahfar, M., Nikzad, A. R., Tabib-Ghaffari, S. M. and Lotfali-Aeineh, Gh. A. 2011. Study of grain yield stability and genotype-environment interaction in 20 bread wheat lines in warm and dry areas of south of Iran. *Electronic Journal of Crop Production* 3 (3): 179-200. (In Persian with English Abstract).
- Fan, X. M., Kang, M. S., Chen, H., Zhang, Y., Tan, J. and Xu, C. 2007. Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. *Agronomy Journal* 99: 220-228.
- Farshadfar, E., Sabaghpour, S. H. and Zali, H. 2012. Comparison of parametric and non-parametric stability statistics for selecting stable chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes under diverse environments. *Australian Journal of Crop Science* 6: 514-524.
- Gauch, H. G. 1992. Statistical analysis of regional trials. AMMI analysis of factorial designs. Elsevier, Amsterdam, Netherlands. 287 p.
- Gauch, H. G. and Zobel, R. W. 1996. AMMI analysis of yield trials. In: Kang M. S. and Gauch-Jr, H. G. (Eds.). *Genotype by environment interaction*. CRC Press, Boca Raton, New York. pp: 85-122.

- Ghodrati-Niari, F. and Abdolshahi, R. 2014.** Evaluation of yield stability of 40 bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes using additive main effects and multiplicative interaction (AMMI). **Iranian Journal of Crop Science** 16 (4): 322-333. (In Persian with English Abstract).
- Karimizadeh, R. and Mohammadi, M. 2015.** Using SHHM model for clustering test environments of lentil in multi-environmental trials. **Current Opinion in Agriculture** 4 (1): 33-37.
- Kempton, R. A. 1984.** The use of biplot in interpreting variety by environment interaction. CRC Press, Boca Raton, Florida.
- Lucas, H. 2013.** An international vision for wheat improvement. Wheat initiative report, May 2013. Available at: <http://www.wheatinitiative.org>.
- Mohammadi, R., Armion, M., Sadeghzadeh, B., Golkari, S., Khalilzadeh, Gh., Ahmadi, H., Abedi-Asl, Gh. and Eskandari, M. 2016.** Assessment of grain yield stability and adaptability of rainfed durum wheat breeding lines. **Applied Field Crops Research** 29 (4): 25-42. (In Persian with English Abstract).
- Mondal, S., Singh, R. P., Mason, E. R., Huerta-Espino, J., Autrique, E. and Joshi, A. K. 2016.** Grain yield, adaptation and progress in breeding for early-maturing and heat-tolerant wheat lines in south Asia. **Field Crops Research** 192: 78-85.
- Navabi, A., Yang, R., Helm, J. and Spaner, D. M. 2006.** Can spring wheat-growing mega environments in the northern Great Plains be dissected for representative locations or niche adapted genotypes? **Crop Science** 46: 1107-1116.
- Roostaei, M., Mohammadi, R. and Amri, A. 2014.** Rank correlation among different statistical models in ranking of winter wheat genotypes. **The Crop Journal** 2: 154-163.
- Rose, I. V. L. W., Das, M. K. and Taliaferro, C. M. 2008.** A comparison of dry matter yield stability assessment methods for small numbers of genotypes of *Bermuda grass*. **Euphytica** 164: 19-25.
- Sabaghnia, N., Sabaghpour, S. H. and Dehghani, H. 2008.** The use of an AMMI model and its parameters to analyze yield stability in multi-environment trials. **The Journal of Agricultural Science** 146 (5): 571-581.
- Safavi, S. M. and Bahraminejad, S. 2013.** The evaluation of genotype  $\times$  environment interactions for grain yield of oat genotypes using AMMI model. **Journal of Crop Breeding** 9 (22): 125-132. (In Persian with English Abstract).
- Samonte, S. O. P. B., Wilson, L. T., McClung, A. M. and Medley, J. C. 2005.** Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analysis. **Crop Science** 45: 2414-2424.
- Seyedsadr, M. and Cornelius, P. L. 1992.** Shifted multiplicative model for nonadditive two-way tables. **Communications in Statistics - Simulation and Computation** 21: 807-822.
- Shahmohammadi, M., Dehghani, H. and Yousefi, A. 2005.** Stability analysis of barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes in regional trial in cold zone. **Journal of Science and Technology of Agriculture and Natural Resources** 9 (1): 143-155. (In Persian with English Abstract).
- Sharifi, P., Aminpanah, H., Erfani, R., Mohaddesi, A. and Abbasian, A. 2017.** Evaluation of genotype  $\times$  environment interaction in rice based on AMMI model in Iran. **Rice Science** 24 (3): 173-180.
- Shariftabar, M. M., Esmailzadeh-Moghaddam, M., Khodarahmi, M. and Bozorhipoor R. A. 2015.** Study of grain yield stability and relations among some agronomic traits in durum wheat genotypes. **Journal of Crop Production and Processing** 4 (14): 111-121.
- Threthowan, R. M., Ginkel, M. V., Ammar, K., Crossa, J., Payne, T. S., Cukadar, B., Rajaram, S. and Hernandez, E. 2003.** Associations among twenty years of international bread wheat yield evaluation environments. **Crop Science** 43: 1698-1711.
- Yan, W., Hunt, L. A., Shen, Q. and Szlavnics, Z. 2000.** Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science** 40: 597-605.
- Yan, W. and Kang, M. S. 2003.** GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Zali, H., Farshadfar, E., Sabaghpour, S. H. and Karimizadeh, R. 2012.** Evaluation of genotype  $\times$  environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model. **Annals of Biological Research** 3 (7): 3126-3136.
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T. and Asghari, A. 2016.** Evaluation of yield stability and drought tolerance based AMMI and GGE biplot analysis in *Brassica napus* L. **Agricultural Communication** 4 (1): 1-8.



University of Guilan  
Faculty of Agricultural  
Sciences

**Cereal Research**  
Vol. 8, No. 3, Autumn 2018 (333-344)

## **Yield stability evaluation of bread wheat promising lines using multivariate methods**

**Mohsen Esmailzadeh Moghaddam<sup>1</sup>, Syrus Tahmasebi<sup>2</sup>, Gholam Abbas Loff Ali Ayeneh<sup>3</sup>, Hossien Akbari Moghadam<sup>4</sup>, Khalil Mahmoudi<sup>5</sup>, Manoochehr Sayyahfar<sup>6</sup>, Seyed Mahmoud Tabib Ghaffari<sup>7</sup> and Hassan Zali<sup>8\*</sup>**

Received: June 18, 2018

Accepted: September 16, 2018

### **Abstract**

To determine yield stability of 16 bread wheat promising lines along with two commercial check cultivars, Chamran and Aflak, were studied in six experimental field stations for two successive cropping seasons (2012-2014). The experiments were conducted using randomized complete block design (RCBD) with four replications. The analysis of variance showed that 80.9, 3.2 and 15.9 percent of total variation were related to the environment (E), genotype (G) and G×E interaction effects, respectively. The results of additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model showed that the first four principal components of AMMI were significant and described 78.4% of the variance of G×E interaction. The AMMI1 model analysis indicated that S-91-9, S-91-14, S-91-13 and S-91-15, with an average grain yield higher than total mean, were the most stable lines. Based on AMMI2 model, S-91-13 was the most stable line. The shifted multiplicative model (SHMM), classified the environments in three groups. The first group consisted of Darab (first and second years), Iranshahr (first year), Khorramabad (first and second years) and Dezful (first year), while Dezful (second year), Ahwaz (first and second years), Zabol (second year) and Iranshahr (second year) were classified in the second group and Zabol (first year) was only into the third group. The presence of Darab and Khorramabad in the same group indicates the relative similarity of these stations and existence of an additive or non-crossover interaction. Finally, the S-91-13 line with high yield and broad adaptability was selected as superior line for further investigation to introduce the new commercial bread wheat cultivar.

**Keywords:** AMMI model, Biplot, SHMM model, Stability analysis

1. Research Assoc. Prof., Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

2. Research Assist. Prof., Dept. of Seed and Plant Improvement, Fars Agricultural and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran

3. Research Assist. Prof., Dept. of Seed and Plant Improvement, Khoozestan Agricultural and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Ahvaz, Iran

4. Research Assist. Prof., Dept. of Seed and Plant Improvement, Sistan Agricultural and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Zabol, Iran

5. Researcher, Dept. of Seed and Plant Improvement, Baloochestan Agricultural and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Iranshahr, Iran

6. Research Assist. Prof., Dept. of Seed and Plant Improvement, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran

7. Research Assist. Prof., Dept. of Seed and Plant Improvement, Dezful Agricultural and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Dezful, Iran

8. Research Assist. Prof., Dept. of Seed and Plant Improvement, Fars Agricultural and Natural Resources Research Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran

\* Corresponding author: [hzali90@yahoo.com](mailto:hzali90@yahoo.com)