

بررسی پایداری عملکرد لاین‌های امیدبخش جو با استفاده از روش‌های SHMM و AMMI

علی براتی^۱، حسن زالی^{۲*}، ایرج لک‌زاده^۳، شیرعلی کوهکن^۴، جبار جعفری^۵، آرش حسین‌پور^۶، مهدی جباری^۲،
اکبر مرزوقیان^۳ و معصومه خیرگو^۵

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۶/۱۵

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۹/۲۳

چکیده

به‌منظور بررسی پایداری عملکرد لاین‌های امیدبخش جو، تعداد ۱۷ لاین به‌همراه سه ژنوتیپ شاهد در پنج ایستگاه منطقه گرم کشور طی دو سال زارعی ۹۸-۱۳۹۶ در قالب طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت و پایداری آن‌ها با استفاده از دو روش AMMI (آثار اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر) و SHMM (مدل ضرب‌پذیر تغییر یافته) ارزیابی شد. تجزیه واریانس عملکرد دانه با استفاده از مدل AMMI نشان داد که اثر ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط بر مبنای مدل AMMI نشان داد که چهار مولفه اصلی اول در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند و در مجموع ۸۴/۷ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند. کم‌ترین مقدار آماره میانگین مربعات اختلاف پیش‌بینی (RMS PD) مربوط به مدل AMMI1 بود و بنابراین تفسیر نتایج با استفاده از مدل AMMI1 از اعتبار بیش‌تری نسبت به مدل AMMI2 برخوردار بود. بر مبنای مدل AMMI1، لاین WB-96-18 به‌عنوان لاین با پتانسیل عملکرد بالا و پایداری نسبی عملکرد شناسایی شد. همچنین، بر اساس مدل AMMI2 لاین‌های WB-96-8 و WB-96-9 دارای سازگاری خصوصی به زابل و لاین WB-96-12 دارای سازگاری خصوصی به مغان بودند. در مجموع، لاین‌های WB-96-10، WB-96-17، WB-96-18 و WB-96-19 به‌عنوان لاین‌های با پتانسیل عملکرد مطلوب در این تحقیق بودند. گروه‌بندی مکان‌ها بر مبنای مدل SHMM دو گروه ایجاد کرد که گروه اول شامل داراب، اهواز و زابل (ایستگاه‌های اقلیم گرم جنوب کشور) و گروه دوم شامل ایستگاه‌های مغان و گنبد (ایستگاه‌های اقلیم گرم شمال) بودند.

واژه‌های کلیدی: اقلیم گرم، بای‌پلات، برهمکنش ژنوتیپ × محیط، روش‌های چند متغیره، سازگاری

- ۱- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات غلات، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
 - ۲- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران
 - ۳- مربی پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اهواز، ایران
 - ۴- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی سیستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، زابل، ایران
 - ۵- مربی پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گنبد، ایران
 - ۶- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی اردبیل، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مغان، ایران
- * نویسنده مسئول: hzali90@yahoo.com

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان خانواده غلات است و از نظر اهمیت اقتصادی پس از گندم، برنج و ذرت در مقام چهارم جهان قرار گرفته است (Ferreira *et al.*, 2016). بر اساس آمار منتشره در سال ۲۰۱۷، میزان تولید جو در جهان حدود ۱۴۷/۴ میلیون تن و در ایران ۳/۱ میلیون تن بود (FAO, 2017). در مجموع جو با درجه سازگاری وسیع‌تر ولی با ارزش اقتصادی کم‌تر، در مناطقی از نواحی خشک که بارندگی برای تولید گندم کافی نیست، جایگزین گندم می‌شود (Zali and Barati, 2020).

به‌علت وجود برهمکنش بین ژنوتیپ و 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 (The additive main effect and multiplicative interaction) است که در آن تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در یک تجزیه واحد ترکیب می‌شوند. واکنش یک ژنوتیپ در چند محیط مختلف ممکن است در یک فضای چندبعدی توصیف شود و لذا این روش‌ها می‌توانند تفسیر آزمایش‌های یکنواخت سراسری عملکرد را ساده‌تر کنند و ارتباط پیچیده و مرکب بین مکان‌ها، ژنوتیپ‌ها و یا بین هر دو را به دقت توسط یک دیاگرام پراکنش توضیح دهند (Gauch, 1992; Gauch and Zobel, 1996). کاربرد مدل AMMI در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در گیاهان مختلف از جمله جو (Barati *et al.*, 2018)، برنج (Sharifi *et al.*, 2017)، کلزا (Zali *et al.*, 2016)، گندم نان (Safavi *et al.*, 2013; Roostaei *et al.*, 2014)، نخود (Zali *et al.*, 2012) و گندم دوروم (Najafi *et al.*, 2019) گزارش شده است.

در یک برنامه اصلاحی هنگامی که برهمکنش از نوع غیرمتقاطع (Non-crossover interaction) باشد، می‌توان آن را نادیده گرفت و تنها بر پایه عملکرد داوری کرد. اما اگر برهمکنش از نوع متقاطع (Crossover interaction) باشد، می‌بایستی اثرگذاری ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ × محیط به‌طور هم‌زمان در نظر گرفته شود و نباید تنها تأثیر ژنوتیپ را مدنظر قرار داد (Yan and Kang, 2003). مدل ضرب‌پذیر تغییریافته یا SHMM

(Shifted multiplicative model) و مدل رگرسیون محیطی یا SERG (Site regression) به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها معرفی شدند (Seyedsadr and Cornelius, 1992). روش SHMM قابلیت بالایی برای تشخیص برهمکنش غیرمتقاطع از متقاطع دارد اما در روش SREG برای ارزیابی پایداری از واریانس ژنوتیپی و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده می‌شود و علاوه بر تعیین ژنوتیپ‌های برتر، گروه‌بندی محیط‌ها نیز انجام می‌شود (Yan and Kang, 2003). رسم نمودار خوشه‌ای به‌روش پیوستگی کامل و بر پایه شاخص فاصله به‌دست آمده در مدل SHMM، این امکان را برای اصلاح‌گر بوجود می‌آورد که گروه‌هایی از محیط‌ها که در آن برهمکنش باعث تغییر رتبه ژنوتیپ‌ها نمی‌شود، را شناسایی کند (Crossa *et al.*, 1993). این روش را می‌توان با کارایی بالایی به‌منظور گروه‌بندی محیط‌هایی با جدپذیری اثرگذاری ژنوتیپی و نیز گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها با جدپذیری کامل، استفاده کرد. از دیگر توانمندی بالای این روش کاربرد آن با تعداد محیط و یا ژنوتیپ بسیار زیاد است. استفاده از مدل SHMM در بسیاری از تحقیقات به‌منظور دسته‌بندی محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها گزارش شده است (Cornelinus *et al.*, 1992; Crossa and Cornelinus, 1993; Navabi *et al.*, 2006; Karimizadeh and Mohammadi, 2015; Esmailzadeh-Moghaddam *et al.*, 2018). به‌منظور شناسایی محیط‌های بزرگ (Mega-environment) جو با استفاده از داده‌های عملکرد دانه ۲۷ ساله (۲۳۵ مکان در ۷۵ کشور) از مدل SHMM استفاده و سه محیط بزرگ شناسایی شد. گروه اول شامل مناطق سرد با بارندگی متوسط، گروه دوم مناطق گرم و خشک و گروه سوم مناطق سرد با بیشترین میزان بارندگی بودند. نتایج نشان داد امکان سازگاری جهانی (Global adaptation) جو وجود دارد و می‌توان با اصلاح و انتخاب ژنوتیپ‌های سازگار در سه محیط بزرگ شناسایی شده آن را بهبود داد (Hernandez-Segundo *et al.*, 2009). در یک مطالعه که به‌منظور شناسایی محیط‌های بزرگ برای تمای ژنوتیپ‌های گندم نان از نظر عملکرد دانه انجام شد، از مدل‌های SHMM و SREG بر اساس داده‌های ۹۶۳ آزمایش استفاده شد. نتایج نشان داد که مکان‌های مورد بررسی در چهار گروه دسته‌بندی شدند (Threthowan *et al.*, 2003). کندل و همکاران (Kendal *et al.*, 2019) به منظور بررسی پایداری عملکرد و سازگاری عمومی لاین‌های

استفاده شد. مدل تجزیه AMMI به صورت رابطه (۱) است (Gauch, 1992; Gauch and Zobel, 1996):

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

در مدل AMMI بخش جمع‌پذیر از تجزیه واریانس معمولی بدست می‌آید. در فرمول بالا Y_{ger} عملکرد ژنوتیپ g ام در محیط e ام و تکرار r ام، μ میانگین کل، σ_g اثر اصلی ژنوتیپ (اختلاف میانگین یک ژنوتیپ از میانگین ژنوتیپ‌ها)، β_e اثر اصلی محیط (اختلاف میانگین یک محیط از میانگین محیط‌ها) است. قسمت ضرب‌پذیر مدل AMMI از مؤلفه‌های اصلی به منظور تجزیه برهمکنش به یک تا N محور مؤلفه اصلی استفاده می‌کند. λ_n یک مقدار منفرد برای محور مؤلفه اصلی n ام، که برابر با مقدار ویژه (Eigen value) مربوط به همان مؤلفه اصلی است. N تعداد محورهای PCA (Principal component analysis) Eigen باقیمانده در مدل AMMI می‌باشد. γ_{gn} بردار ویژه (Eigen vector) ژنوتیپ g ام از n مؤلفه اصلی برهمکنش (IPCA; Interaction principal component analysis) و δ_{en} بردار ویژه محیط e ام از n مؤلفه اصلی برهمکنش، ρ_{ge} جزء مربوط به باقی‌مانده (Residual) و ε_{ger} جزء مربوط به خطا (در صورتی که آزمایش تکرار داشته باشد) است (Gauch and Zobel, 1996).

به منظور تعیین نمودن مؤلفه‌های اصلی مؤثر لازم برای مدل و بدست آوردن بهترین مدل در AMMI از میانگین مربعات اختلاف پیش‌بینی (RMSPD; Root mean square predictive difference) استفاده شد. کم‌ترین مقدار RMS PD نشانگر قابل پیش‌بینی‌تر بودن مدل می‌باشد (Ebdon and Gauch, 2002). این عمل ۱۰۰۰ مرتبه (با انتخاب تکرارها به طور تصادفی) انجام شد و در نهایت میانگین RMS PD 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، روش‌های مذکور به شرط نرمال بودن و مستقل بودن، برای مدل‌های خطی صحیح‌اند. اما چون روش AMMI، مدل کاهشی است (یعنی تمام مؤلفه‌های اصلی و در نتیجه ریشه‌های مشخصه‌ی مربوط در نظر گرفته نمی‌شود)، ریشه‌های مشخصه توزیع χ^2 ندارند و باید آزمون F را تصحیح نمود (Gauch, 1992). بنابراین برای تخمین مناسب اثرات ضرب‌پذیر، آزمون‌های FGH_1 و FGH_2 برای مدل‌های AMMI یا هر مدل ضرب‌پذیر دیگر مثل تجزیه

امیدبخش جو از روش AMMI و تجزیه بای‌پلات به صورت هم‌زمان استفاده کردند. آن‌ها ۱۲ لاین را در هفت محیط مورد بررسی قرار دادند و هم لاین دارای سازگاری عمومی برای تمام محیط‌ها و هم لاین‌های دارای سازگاری خصوصی به بعضی محیط‌ها را شناسایی کردند. براتی و همکاران (Barati et al., 2019) در بررسی پایداری ۱۷ لاین امیدبخش جو از روش AMMI استفاده نمودند و دو لاین برای مناطق گرم و خشک جنوب و یک لاین برای منطقه گرم و مرطوب شمال معرفی نمودند.

هدف از این تحقیق، بررسی برهمکنش ژنوتیپ \times محیط با استفاده از مدل‌های AMMI و SHMM در لاین‌های امیدبخش جو و معرفی لاین‌های با پتانسیل عملکرد بالا و پایدار جهت معرفی و کشت در مناطق مختلف اقلیم‌های گرم جنوب و شمال کشور بود.

مواد و روش‌ها

به منظور بررسی و معرفی لاین‌های دارای عملکرد بالا و پایدار جهت معرفی و کشت در اقلیم‌های گرم و خشک جنوب و اقلیم‌های گرم و مرطوب شمال کشور، تعداد ۱۷ لاین امیدبخش، که حاصل تلاقی‌های داخلی و بین‌المللی است (جدول ۲)، استفاده شد. این تحقیق در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی همراه با سه شاهد صحرا/نیمروز، اکسین و WB-94-3 در مراکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس (ایستگاه داراب)، خوزستان (اهواز)، سیستان (زابل)، اردبیل (ایستگاه مغان) و گلستان (ایستگاه گنبد) طی سال‌های زراعی ۹۸-۱۳۹۶ انجام شد. شاهد اول (صحرا/نیمروز) در دو اقلیم شمال و جنوب مشترک نبود و فقط برای مقایسه لاین‌های جدید با رقم رایج منطقه استفاده شده بود و در نتیجه حذف و تجزیه‌ها با استفاده از نوزده ژنوتیپ انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در اواخر آذر ماه در شش خط به طول شش متر به فاصله ۱۵ سانتی‌متر از یکدیگر کشت و به صورت نشتی آبیاری شدند. میزان بذر مصرفی بر مبنای ۳۰۰ دانه در متر مربع و با در نظر گرفتن وزن هزار دانه برای هر لاین تعیین گردید. در طول فصل زراعی، کلیه عملیات‌های زراعی مرسوم انجام شد و در زمان برداشت عملکرد دانه در واحد سطح محاسبه شد.

در این تحقیق از روش‌های چندمتغیره AMMI و SHMM به منظور بررسی پایداری عملکرد ارقام و لاین‌ها

$$\bar{Y}_{ij} = \beta + \sum_{n=1}^N \lambda_n \gamma_{in} \delta_{jn} + \rho_{ij} \quad (۳)$$

در جدول دوطرفه با g ژنوتیپ و e محیط، \bar{Y}_{ij} میانگین ژنوتیپ λ_n در محیط λ_n ، β پارامتر تغییر (Shift) به ترتیب اثرات اولیه ژنوتیپ λ_n مقدار منفرد برای n مؤلفه؛ γ_{i1} و δ_{j1} به ثانویه ژنوتیپ λ_n و محیط λ_n و غیره و ρ_{ij} باقی مانده غیر قابل توضیح به وسیله مؤلفه‌های اولیه، ثانویه و غیره است. در این تحقیق، برای مقایسه میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها از روش حداقل تفاوت معنی‌دار (LSD; Least square different) استفاده شد. برای محاسبه مدل SHMM، آماره‌های RMS PD و F_{GH1} از نرم‌افزار SAS، برای تجزیه مدل AMMI از نرم‌افزار Genostat، به‌منظور رسم نمودار از نرم‌افزار STATISTICA 12 استفاده شد.

به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه تشخیص معرفی شدند (Cornelius *et al.*, 1993). در این تحقیق برای محاسبه RMS PD و F_{GH1} از برنامه نوشته شده در نرم‌افزار SAS توسط اکبریور و همکاران (Akbarpour *et al.*, 2014) استفاده شد.

به‌منظور محاسبه میزان پایداری ژنوتیپ‌ها از معیار ارزش پایداری AMMI (ASV=AMMI stability value) استفاده شد که فرمول آن به‌صورت رابطه (۲) می‌باشد:

$$ASV_i = \sqrt{\left(\frac{SS_{IPCA1}}{SS_{IPCA2}} \times IPCA1\right)^2 + (IPCA2)^2} \quad (۲)$$

در این فرمول SS_{IPCA1} و SS_{IPCA2} به ترتیب مجموع مربعات مؤلفه اصلی اول و دوم، $IPCA1$ و $IPCA2$ به ترتیب مؤلفه اصلی اثر متقابل اول و دوم در مدل AMMI می‌باشد (Purchase *et al.*, 2000).

معادله مدل تجزیه SHMM با N مؤلفه ضرب‌پذیر، به‌منظور بررسی برهمکنش ژنوتیپ \times محیط به‌صورت رابطه (۳) می‌باشد (Seyedsadr and Cornelius, 1992):

جدول ۱- شجره لاین‌های امیدبخش جو مورد بررسی

Table 1. Name and pedigree of investigated barley cultivars and promising lines

Lines no.	Lines cods		Origin
G1	Nimrooze/Sahra	Check	Iran
G2	Auxin	Check	Iran
G3	WB-96-3	Yousef/3/Rhn-03//L.527/NK1272	Iran
G4	WB-96-4	Lignee 527/Chn-01//Gustoe/4/Rhn-08/3/Deir Alla 106//DI71/Strain 205/5/Teran78	Iran
G5	WB-96-5	Lignee 527/Chn-01//Gustoe/4/Rhn-08/3/Deir Alla 106//DI71/Strain 205/5/Teran78	Iran
G6	WB-96-6	Rhn-03//L.527/NK1272/4/Arar/3/Cr.115/por//Giza 121	Iran
G7	WB-96-7	Ashar/Victoria//CWB117-5-9-6/5/Yousef/6/Nosrat/3/D-10(Rhn-03//L.527/NK1272)	Iran
G8	WB-96-8	Novosadski-444/3/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	Iran
G9	WB-96-9	Lignee527/Aths//Lignee527/NK1272	International
G10	WB-96-10	BLLU/KASOTA	International
G11	WB-96-11	MELUSINE/ALELI/3/MATICO/JET//SHYRI/4/...ARUPO/K8755//MOR A/3/CANELA/5/Arbaya	Iran
G12	WB-96-12	PINON/TOCTE//CHAMICO/3/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	Iran
G13	WB-96-13	Gob96Dh/3/ND10277/Shyri/ND11231/Shyri/4/Azaf/5/Sahra	Iran
G14	WB-96-14	Zabol-11	Iran
G15	WB-96-15	Fajr30/3/Rhn-03//L.527/NK1272	Iran
G16	WB-96-16	Sahra/Torsh	Iran
G17	WB-96-17	Nosrat/3/D-10(Rhn-03//L.527/NK1272)/4/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	Iran
G18	WB-96-18	Nosrat/3/D-10(Rhn-03//L.527/NK1272)/4/Lignee 527/NK1272//JLB 70-63	Iran
G19	WB-96-19	354/14-TF	International
G20	WB-94-3	Check	Iran

جدول ۲- ویژگی‌های جغرافیایی و هواشناسی مکان‌های مورد آزمایش

Table 2. Meteorological and geographical characteristics of the experimental sites

Site	Altitude (m)	Latitude	Longitude	Mean of annual rainfall (mm)
Zabol	489	31°0'N	61°32'E	61
Ahvaz	22.5	31°20'N	48°40'E	213
Darab	1107	28°50'N	54°30'E	248
Gonbad	70	37°17'N	55°18'E	200-400
Moghan	45	39°20'N	47°31'E	250

نتایج و بحث

براتی و همکاران (Barati et al., 2018) نیز در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در ۱۸ لاین امیدبخش جو به‌همراه دو رقم شاهد با استفاده از مدل AMMI گزارش کردند که سهم دو مؤلفه اصلی در توجیه برهمکنش ۶۸/۳ درصد بود.

به‌منظور بررسی تعداد مؤلفه‌های اصلی برهمکنش ژنوتیپ × محیط معنی‌دار از آزمون F تصحیح شده یعنی F_{GH1} استفاده شد (Cornelius et al., 1993). نتایج نشان داد که چهار مؤلفه اصلی اول برهمکنش ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۳). هم‌چنین به‌منظور بررسی بهترین مدل AMMI از آماره RMS PD (Cornelius et al., 1992) استفاده شد. مقدار کم‌تر RMS PD نشان‌دهنده قابل پیش‌بینی‌تر بودن مدل می‌باشد. نتایج نشان داد که کم‌ترین مقدار آماره RMS PD مربوط به مدل AMMI1 است (جدول ۳) بنابراین تفسیر نتایج با استفاده از مدل AMMI1 نسبت به مدل AMMI2 اعتبار بیش‌تری دارد.

میانگین عملکرد ارقام و لاین‌های امیدبخش مورد بررسی در ۱۰ محیط در جدول (۴) ارائه شده است. نتایج نشان داد که میانگین عملکرد دانه لاین‌های مورد بررسی در این آزمایش در دامنه‌ای بین ۴۸۲۹ تا ۴۱۳۰ کیلوگرم در هکتار متغیر بود. بیش‌ترین عملکرد دانه مربوط به ژنوتیپ‌های WB-96-18، WB-96-10، اکسین، WB-96-19 و WB-96-17 به‌ترتیب با عملکرد دانه ۴۸۲۹، ۴۸۱۳، ۴۸۰۸، ۴۷۴۷ و ۴۷۲۶ کیلوگرم در هکتار بود. کم‌ترین عملکرد دانه نیز در لاین‌های WB-96-9 (۴۱۳۰ کیلوگرم در هکتار)، WB-96-14 (۴۱۷۶ کیلوگرم در هکتار)، WB-96-12 (۴۲۱۸ کیلوگرم در هکتار) و WB-96-7 (۴۲۷۳ کیلوگرم در هکتار) مشاهده شد. هم‌چنین میانگین کل عملکرد دانه در ۱۰ محیط ۴۴۶۹ کیلوگرم در هکتار بود. در مجموع میانگین عملکرد دانه لاین‌های WB-96-18 و WB-96-10 از هر دو شاهد

نتایج تجزیه واریانس عملکرد دانه با استفاده از مدل AMMI نشان داد که اثر ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار است. برهمکنش ژنوتیپ × محیط، ۲۴/۲ درصد از مجموع مربعات کل را به‌خود اختصاص داد، در حالی‌که این مقدار برای ژنوتیپ و محیط به‌ترتیب برابر با ۵/۰ درصد و ۷۰/۷ درصد بود (جدول ۳). هر چند برهمکنش ژنوتیپ × محیط، منبع اصلی تغییرات نیست، ولی اثر ۴/۸۴ برابر اثر ژنوتیپ بود که نشان‌دهنده امکان وجود محیط‌های بزرگ است (Gauch and Zobel, 1996; Yan et al., 2000). کم‌بودن اثر ژنوتیپ در توجیه تنوع موجود احتمالاً به این دلیل است که در سال‌های گذشته در برنامه‌های اصلاحی، ژنوتیپ‌های برتر از لحاظ عملکرد انتخاب شده و این ژنوتیپ‌های برتر نسبت به محیط و برهمکنش ژنوتیپ × محیط در توجیه تنوع موجود در آزمایشات چندمحیطی نقش کم‌تری داشته‌اند (Esmaeilzadeh-Moghaddam et al., 2018).

طاهریان و همکاران (Taherian et al., 2019) در بررسی پایداری ۱۷ ژنوتیپ جو، بیان کردند که سهم ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ × محیط در توجیه میانگین مربعات کل به‌ترتیب ۱۷، ۵۶ و ۲۷ درصد بود. سهم بالای محیط در توجیه مجموع مربعات کل در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (Zali et al., 2006; Mohammadi et al., 2016; Maniruzzaman et al., 2019).

نتایج تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط بر مبنای مدل AMMI نشان داد که چهار مؤلفه اصلی این برهمکنش در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند. این چهار مؤلفه ۸۴/۷ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند. اکبرپور و همکاران (Akbarpour et al., 2014) در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در ژنوتیپ‌های جو، از روش AMMI استفاده و بیان کردند که هفت مؤلفه اول ۸۷ درصد از مجموع مربعات برهمکنش را توجیه کردند.

مقادیر اولین مؤلفه اصلی با علامت‌های مخالف، واکنش برهمکنش منفی ایجاد می‌کند (Kempton, 1984). بررسی بای‌پلات شکل (۱) نشان داد که ژنوتیپ‌های G3، G7 و G17 و محیط‌های G1 (گنبد سال اول)، G2 (گنبد سال دوم) و Z1 (زابل سال اول) دارای برهمکنش بزرگ بودند. به عبارت دیگر، این سه 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. بنابراین، گنبد یکی از مکان‌های مناسب در تمایز ژنوتیپ در شرایط این تحقیق بود. در گنبد لاین‌های شماره G3، G7 و G9 بیش‌ترین کاهش عملکرد را نسبت به متوسط کل (حدود ۱۰۰۰ کیلوگرم در هکتار) داشتند و لاین‌های شماره G10، G18 و G19 بیش‌ترین افزایش عملکرد را نسبت به عملکرد متوسط کل (حدود ۱۰۰۰ کیلوگرم در هکتار) نشان دادند. در هیچ‌کدام از مناطق، تفاوت لاین‌ها از متوسط کل مانند گنبد نبود. بنابراین در گنبد لاین‌های شماره G10، G18 و G19 تفاوت عملکرد قابل توجهی را نسبت به عملکرد متوسط کل نشان دادند (نتایج نشان داده نشده است). کم‌ترین میزان برهمکنش در هر دو سال در مغان (Mo1 و Mo2) و Da2 (داراب سال دوم) مشاهده شد. به عبارت دیگر، کم‌ترین میزان تمایز بین لاین‌ها در مغان مشاهده شد (شکل ۱)، ولی بیش‌ترین عملکرد لاین‌های امیدبخش جو مربوط به مغان بود (جدول ۴).

آزمایش (اکسین و WB-94-3) بیش‌تر بود و میانگین عملکرد لاین‌های WB-96-19 و WB-96-17 تنها از شاهد WB-94-3 بالاتر بود. سایر لاین‌های دارای متوسط عملکرد پایین‌تری نسبت به هر دو شاهد آزمایش بودند (جدول ۴). در جدول ۴، مقادیر چهار مؤلفه اصلی برهمکنش (IPCA_k) و آماره ارزش پایداری AMMI (ASV) نشان داده شده است. ASV براساس دو مؤلفه اصلی برهمکنش (AMMI₂) محاسبه شده است. نتایج نشان داد که لاین شماره G14 با کم‌ترین مقدار ASV پایدارترین لاین بود، ولی عملکرد آن از میانگین کل و هر دو شاهد آزمایش پایین‌تر بود. لاین شماره G7 نیز با بیش‌ترین مقدار ASV ناپایدارترین لاین بود. در بین لاین‌های پر محصول (G10، G17، G18 و G19)، لاین شماره G18 کم‌ترین مقدار ASV را داشت و از سایر لاین‌های پر محصول پایدارتر بود. در بای‌پلات شکل (۱)، محور افقی نشان‌گر میانگین عملکرد دانه بر حسب کیلوگرم در هکتار و محور عمودی مقادیر اولین مؤلفه اصلی (IPCA1) است. باید توجه داشت که ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که دارای مقادیر اولین مؤلفه اصلی بزرگ (مثبت یا منفی) باشند، برهمکنش بالایی دارند، در حالی که ژنوتیپ‌ها و محیط‌های واجد مقادیر اولین مؤلفه اصلی نزدیک به صفر، دارای برهمکنش پایین هستند. ژنوتیپ‌ها و محیط‌های دارای اولین مؤلفه اصلی با علامت یکسان برهمکنش مثبت ایجاد می‌کنند، در حالی که ترکیب

جدول ۳- تجزیه واریانس عملکرد دانه لاین‌های امیدبخش جو با استفاده از مدل AMMI در محیط‌های مختلف طی سال‌های زراعی

۱۳۹۶-۱۳۹۸

Table 3. Analysis of variance of the grain yield of barley promising lines in different environments during 2017-2019 cropping years

Source of variations	df	Sum of square	Mean square	Sum of square Proportion	RMS PD	FGH1
Treatment (T)	189	569133584	3011289**			
Genotype (G)	18	28724036	1595780**	5.0		
Environment (E)	9	402407033	44711893**	70.7		
G × E	162	138002515	851867**	24.2		
IPCA1	26	60764456	2337094**	44.0	653	4.33**
IPCA2	24	24024676	1001028**	17.4	660	1.88**
IPCA3	22	19493812	886082**	14.1	659	1.70**
IPCA4	20	12630442	631522**	9.2	665	1.24**
Residual	70	21089129	301273 ^{ns}	15.3		
Error	380	121713094	320298			

^{ns} and **: Not-significant and significant at 1% probability level, respectively. RMS PD indicates root mean square predictive difference.

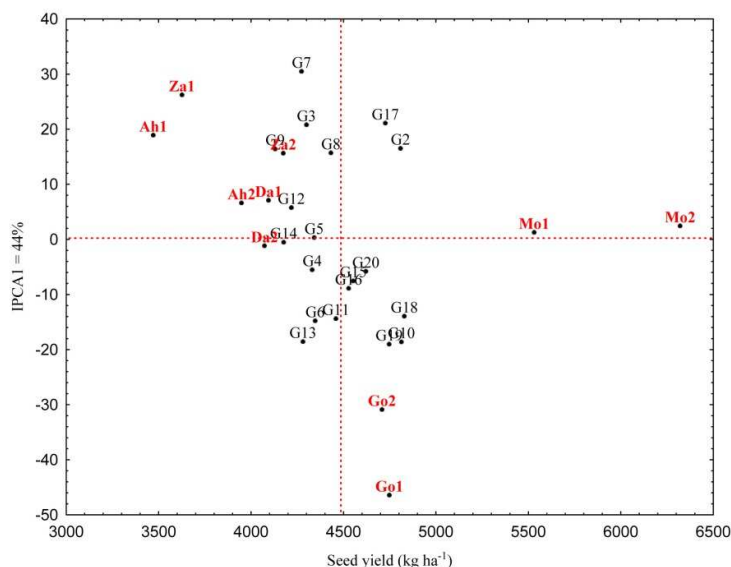
جدول ۴- میانگین عملکرد دانه، مقادیر چهار مؤلفه اصلی برهمکنش و آماره‌های پایداری AMMI در لاین‌های امیدبخش جو
 Table 4. Mean of grain yield, amount of first four principal components of GE interaction and AMMI model stability statistics in barley promising lines

Lines/environment no.	IPCA1	IPCA2	IPCA3	IPCA4	ASV	Rank of ASV	Yield	Rank of yield
G2	16.54	20.27	3.82	3.91	46.48	13	4808	3
G3	20.82	-11.82	-19.80	13.66	53.96	17	4300	14
G4	-5.50	18.72	4.10	-6.46	23.32	7	4331	13
G5	0.35	18.62	-2.48	12.38	18.64	4	4342	12
G6	-14.76	-18.02	7.57	12.24	41.45	11	4347	11
G7	30.51	-11.52	-6.98	-12.87	78.02	19	4273	16
G8	15.71	8.46	16.98	9.08	40.62	10	4432	10
G9	16.44	-7.04	-10.40	-14.38	42.17	12	4130	19
G10	-18.58	0.20	-6.86	-1.34	46.99	14	4813	2
G11	-14.35	16.33	-4.32	-26.13	39.80	9	4459	9
G12	5.79	9.78	-16.61	9.51	17.61	3	4218	17
G13	-18.52	-20.24	2.98	-6.98	51.02	16	4281	15
G14	-0.49	-8.75	-12.17	0.55	8.84	1	4176	18
G15	-7.52	-1.06	-0.15	-8.22	19.05	5	4553	7
G16	-8.86	3.76	8.38	6.63	22.72	6	4528	8
G17	21.12	-8.64	30.17	-4.16	54.11	18	4726	5
G18	-13.92	-6.82	8.17	2.89	35.86	8	4829	1
G19	-19.00	1.68	-7.04	9.44	48.08	15	4747	4
G20	-5.77	-3.91	4.64	0.26	15.11	2	4621	6
Ah1	18.95	3.77	6.27	12.83			3471	10
Ah2	6.63	3.30	-13.19	-9.59			3948	8
Da1	7.11	-8.23	3.98	-12.01			4094	6
Da2	-1.15	-18.72	9.25	-14.58			4072	7
Za1	26.26	4.99	31.56	13.52			3624	9
Za2	15.65	11.98	-8.77	-20.63			4174	5
Go1	-46.39	31.43	12.41	-0.20			4748	3
Go2	-30.84	-34.65	2.77	5.86			4708	4
Mo1	1.30	0.64	-25.24	28.02			5531	2
Mo2	2.46	5.47	-19.04	-3.22			6321	1

Environmental codes Ah, Da, Za, Go and Mo represent the stations of Ahvaz, Darab, Zabol, Gonbad and Moghan, respectively. The number 1 and 2 in the environmental codes are the first year (2017-2018) and the second year (2018-2019), respectively.

کل بودند، ولی عملکردشان از هر دو شاهد آزمایش یعنی G2 (اکسین) و G20 (WB-94-3) کم‌تر بود. در بین ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا (یعنی G2، G10، G17، G18 و G19)، لاین شماره G18 کم‌ترین برهمکنش را نسبت به سایر ژنوتیپ‌های پرمحصول داشت و به‌علت داشتن میانگین عملکرد بالاتر از میانگین کل و هر دو شاهد آزمایش، می‌تواند به‌عنوان لاین برتر با پایداری نسبی خوب و عملکرد بالا از نظر مدل AMMI1 مورد توجه قرار گیرد (شکل ۱).

توجه شود که هر چه برهمکنش کم‌تر باشد، ژنوتیپ مورد نظر کم‌تر تحت تأثیر محیط بوده و پایداری عملکرد بیش‌تری دارد. ژنوتیپ‌هایی که به محور IPCA1 نزدیک‌تر باشند (مدل AMMI1)، برهمکنش نزدیک به صفر دارند و دارای پایداری عمومی هستند. به این ترتیب، ژنوتیپ‌های شماره G5، G14، G4، G20 (اکسین)، G12، G15 و G16 برهمکنش کمی داشتند. از طرفی، لاین‌های شماره G5، G14، G4 و G12 دارای عملکرد کم‌تر از متوسط کل و کم‌تر از هر دو شاهد آزمایش بودند. لاین‌های شماره G15 و G16 نیز هر چند دارای متوسط عملکرد بالاتر از متوسط

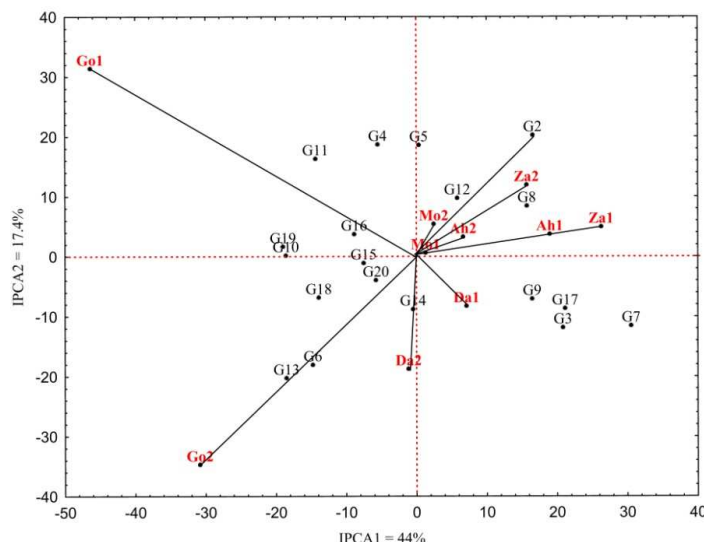


شکل ۱- بای پلات میانگین ژنوتیپ‌ها، محیط‌ها و مقادیر اولین مؤلفه اصلی برهمکنش (مدل AMMI1). کدهای محیطی Ah, Da, Za, Go و Mo به ترتیب معرف ایستگاه‌های اهواز، داراب، زابل، گنبد و مغان می‌باشند. اعداد ۱ و ۲ در کدهای محیطی به ترتیب معرف سال اول (۱۳۹۶-۹۷) و سال دوم (۹۸-۱۳۹۷) هستند.

Figure 1. Biplot of genotypes, environments mean and first two principal components of GE interaction (AMMI1 model). Environmental codes of Ah, Da, Za, Go and Mo represent the stations of Ahvaz, Darab, Zabol, Gonbad and Moghan, respectively. The number 1 and 2 in the environmental codes are the first year (2017-2018) and the second year (2018-2019), respectively.

دسته‌های مشترک و معیار فاصله آن‌ها با استفاده از مدل SHMM ارایه شده است. مطابق با جدول (۶)، مقادیر فاصله محیط‌ها بین ۰/۴۶۴ تا ۲/۰۱۸ قرار داشت. گروه‌بندی مکان‌ها بر مبنای مدل SHMM و قطع دندروگرام از فاصله ۲/۰۱۸ واحد (جدول ۶)، مکان‌ها را در دو گروه قرار داد (شکل ۲). گروه اول شامل مکان‌های اهواز، زابل و داراب بود. اهواز و زابل نزدیکی بیشتری با هم داشتند. با توجه به نمودار AMMI1 (شکل ۱)، محیط‌های Ah2 (اهواز سال دوم)، Za2 (زابل سال دوم)، Da1 (داراب سال اول) و Ah1 (داراب سال دوم) در یک گروه قرار گرفتند. بر اساس مدل SHMM (شکل ۲)، در گروه دوم، مکان‌های مغان و گنبد قرار گرفتند. در واقع مدل SHMM مناطق اقلیم گرم جنوب کشور شامل داراب، اهواز و زابل را در یک گروه و مناطق اقلیم گرم شمال را در گروه دیگر قرار داد. در مدل AMMI1 هر دو محیط گنبد (Go1 و Go2) دارای بیشترین برهمکنش و هر دو محیط مغان (Mo1 و Mo2) دارای کمترین برهمکنش نسبت به سایر محیط‌های مورد بررسی بودند که احتمالاً نشان‌دهنده شرایط مشابه آب و هوایی در هر دو سال اجرای این تحقیق در هر دو مکان بوده است.

شکل (۲) بای پلات مؤلفه‌های اصلی اول و دوم برهمکنش را برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌های مورد بررسی نشان می‌دهد (AMMI2). در واقع ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر اساس مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم نقطه‌یابی شده‌اند. این بای پلات ۶۱/۴ درصد از اطلاعات مربوط به برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کرد که سهم مؤلفه‌های اصلی اول و دوم در تفکیک ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به ترتیب ۴۴ و ۱۷/۴ درصد بود. با توجه به شکل (۲)، لاین‌های شماره G6، G7 و G13 دارای برهمکنش بزرگ و ناپایدار بودند و بیشترین برهمکنش مربوط به گنبد (Go1 و Go2) بود. لاین‌های شماره G14، G15 و G16 دارای برهمکنش کوچک و بنابراین دارای سازگاری عمومی بودند، ولی عملکرد هیچ‌کدام از شاهد اکسین بیش‌تر نبود. لاین‌های شماره G8 و G9 بیش‌ترین سازگاری خصوصی را با منطقه زابل و لاین G12 بیش‌ترین سازگاری خصوصی را با مغان نشان دادند (شکل ۲). در تحقیق حاضر، برهمکنش ژنوتیپ × محیط بر اساس مدل SHMM نیز تجزیه شد. در جدول (۵)، نتایج ماتریس فاصله بین محیط‌ها بر اساس مدل SHMM ارایه شده است. هم‌چنین متوسط فاصله بین مشاهدات 1839918 بود. در جدول (۶) نیز مراحل دسته‌بندی محیط‌ها شامل



شکل ۲- نمودار بای‌پلات براساس مقادیر دو مؤلفه اصلی اول برهمکنش (مدل AMMI2). کدهای محیطی Go و Mo، به ترتیب معرف ایستگاه‌های اهواز، داراب، زابل، گنبد و مغان و اعداد ۱ و ۲ معرف سال اول (۹۷-۱۳۹۶) و سال دوم (۹۸-۱۳۹۷) هستند. Figure 2. Biplot of two principal components of GE interaction (AMMI2 model). Environmental codes of Ah, Da, Za, Go and Mo represents the stations of Ahvaz, Darab, Zabol, Gonbad and Moghan, and the number of 1 and 2 are the first year (2017-2018) and the second year (2018-2019), respectively.

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. به نظر می‌رسد قرار گرفتن داراب، اهواز و زابل در یک گروه نشان‌دهنده مشابهت نسبی این مکان‌ها و وجود برهمکنش افزایشی یا غیرکراس‌آوری است. این نتایج در مدل AMMI هم تأیید شد. قرار گرفتن اهواز و زابل در یک زیرگروه جداگانه در گروه یک نیز قابلیت پیش‌بینی و تکرارپذیری بالاتر این دو مکان نسبت به داراب در شرایط این تحقیق می‌باشد. از روش SHMM به منظور گروه‌بندی محیط‌های بدون برهمکنش متقاطع اولین بار توسط کورنلیوس و همکاران (Cornelius *et al.*, 1992) استفاده شد. کاربرد مدل SHMM در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط و دسته‌بندی محیط‌ها در گیاهان مختلف از جمله جو (Hernandez-Segundo *et al.*, 2009)، گندم (Esmaeillzadeh Moghadam *et al.*, 2011) و عدس (Karimizadeh and Mohammadi, 2015) نیز گزارش شده است. در تحقیقی، به منظور بررسی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم نان در مناطق گرم و خشک و دسته‌بندی محیط‌های مورد بررسی از روش SHMM استفاده و ۱۲ محیط مورد بررسی در سه گروه قرار گرفتند (Esmaeillzadeh Moghadam *et al.*, 2018).

در مجموع نتایج دسته‌بندی محیط‌ها بر اساس مدل SHMM، انطباق نسبی با نتایج مدل‌های AMMI1 و AMMI2 نشان داد. عدم انطباق کامل نتایج AMMI با SHMM می‌تواند دلایل متفاوتی داشته باشد. به عنوان مثال، الگوریتم‌های زیادی برای گروه‌بندی محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها وجود دارد که هر یک از آن‌ها می‌تواند خوشه‌های متفاوتی ایجاد کند. هم‌چنین انواع مختلفی از شاخص‌های فاصله وجود دارند که موجب به دست آمدن نتایج به طور کلی متفاوتی می‌شوند، ولی در مجموع میزان انطباق مدل SHMM با مدل AMMI1 بیش‌تر از مدل AMMI2 بود.

جدول ۵- ماتریس فاصله بین مکان‌های مورد مطالعه

Table 5. Distance matrix between five studied sites

Location	Ahvaz	Darab	Zabol	Gonbad
Darab	1730569			
Zabol	854114	1639255		
Gonbad	2115360	1861493	3712199	
Moghan	1404328	1707276	1705373	1669211

جدول ۶- مراحل دسته‌بندی محیط‌ها بر اساس روش SHMM

Table 6. Clustering steps of SHMM procedure

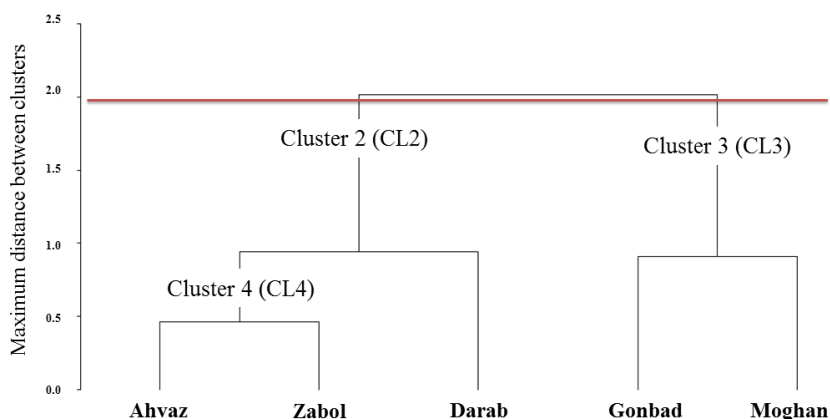
Step	Jointed clusters	Environment	
		No.	Distance
4	Ahvaz Zabol	2	0.464
3	Gonbad Moghan	2	0.907
2	CL4 Darab	3	0.941
1	CL2 CL3	5	2.018

نتیجه گیری کلی

اکسین پایین تر بود همچنین براساس مدل AMMI2 لاین-های شماره ۸-WB-96 و ۹-WB-96 دارای سازگاری خصوصی با منطقه زابل و لاین شماره ۱۲-WB-96 دارای سازگاری خصوصی با مغان بودند.

روش SHMM یک روش مناسب برای دسته بندی محیطها و مکانهای مورد آزمایش است. گروه بندی مکانها بر مبنای مدل SHMM دو گروه ایجاد کرد. گروه اول شامل داراب، اهواز و زابل که جزء ایستگاههای اقلیم گرم جنوب کشور می باشند. در این مکانها طول دوره رشد جو کوتاه تر از ایستگاههای مغان و گنبد (گروه دو) می باشد. بنابراین از جنبه پتانسیل عملکرد، ایستگاههای مغان و گنبد (اقلیم گرم شمال) پتانسیل عملکرد بیشتری در مقایسه با ایستگاههای اقلیم جنوب کشور دارند.

لاینهای ۱۰-WB-96، ۱۷-WB-96، ۱۸-WB-96 و ۱۹-WB-96 جزء لاینهای پرتانسیل در این تحقیق بودند به طوری که عملکرد آنها بالاتر از متوسط کل و حداقل یکی از شاهد های آزمایش بودند. از طرفی با توجه به کمتر بودن مقدار آماره RMS PD مربوط به مدل AMMI1، تفسیر نتایج مدل AMMI1 از اعتبار بیشتری برخوردار بود. بر مبنای مدل AMMI1 لاین ۱۸-WB-96 لاینی با پتانسیل عملکرد بالا و پایداری نسبی عملکرد بود. بر اساس مدل AMMI2 لاینهای ۱۵-WB-96 و ۱۶-WB-96 دارای پایداری عملکرد بودند ولی عملکرد آنها از شاهد



شکل ۲- گروه بندی مکانهای مورد بررسی مبتنی بر مدل SHMM

Figure 2. Classification of locations under study based on SHMM model

References

- 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.
- Barati, A., Lakzadeh, I., Jabbari, M., Poudineh, O., Alt Jafarby, J., Khanzadeh Ghara Aghajlosofla, H. and Kheirgoo, M. 2019. Selection of barley genotypes for warm regions of Iran using stability statistics and AMMI analysis. *Seed and Plant Journal* 36: 223-240. (In Persian with English Abstract).
- Barati, A., Tabatabae, S. A., Mahlooji, M. and Saberi, M. H. 2018. Assessment of grain yield stability of barley (*Hordeum vulgare* L.) promising lines under salinity stress using non-parametric and AMMI analysis methods. *Iranian Journal of Crop Sciences* 20 (3): 209-221. (In Persian with English Abstract).
- Crossa, J., Cornelius, P., Seyedsadr, M. and Byrne, P. 1993. A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without genotypic rank change. *Theoretical and Applied Genetics* 85: 577-586.
- Crossa, J. and Cornelius, P. L. 1993. Recent developments in multiplicative models for cultivar trials. In: Shibles, R., Forfberg, R. A., Blad, B. L., Asay, K. H., Paulsen, G. M. and Wilson, R. F. (Eds.).

- International Crop Science I, Buxton DR. 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 turf grass performance trials. II. Cultivar recommendations. **Crop Science** 42: 497-506.
- Esmailzadeh-Moghaddam, M., Zakizadeh, Akbari-Moghaddam, M. H., Abedini-Esfahlani, M., Sayahfar, M., Nikzad, A. R., Tabib-Ghaffari, S. M. and Aeineh, A. L. 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).
- Esmailzadeh Moghaddam, M., Tahmasebi, S., Ayeneh, G. A. L. A., Akbari Moghadam, H., Mahmoudi, K., Sayyahfar, M., Tabib Ghaffari, S. M. and Zali, H. 2018.** Yield stability evaluation of bread wheat promising lines using multivariate methods. **Cereal Research** 8 (3): 333-344. (In Persian with English Abstract).
- FAO. 2017.** Statistical data. FAOSTAT. www.org.
- 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.
- Ferreira, J. R., Pereira, J. F., Turchetto, C., Minella, E., Consoli, L. and Delatorre, C. A. 2016.** Assessment of genetic diversity in Brazilian barley using SSR markers. **Genetics and Molecular Biology** 39 (1): 86-96.
- 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.
- Hernandez-Segundo, E. Capettini, F., Trethowan, R., Ginkel, M., Mejia, A., Carballo, A., Crossa, J., Vargas, M. and Balbuena-Melgarejo, A. 2009.** Mega-environment identification for barley based on twenty-seven years of global grain yield data. **Crop Science** 49: 1705-1718.
- 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. Journal of Agricultural Science, CRC press, BO Ca Raton, Florida.
- Kendal, E., Karamian, M., Tekdal, S. and Dogan, S. 2019.** Analysis of promising barley (*Hordeum vulgare* L.) lines performance by AMMI and GGE BILOT in multiple traits and environment. **Applied Ecology Environmental Research** 17 (2): 5219-5233.
- Maniruzzaman, M. Z., Begum, F., Khan, M. A. A., Amiruzzaman, M. and Hossain, A. 2019.** Evaluation of yield stability of seven barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes in multiple environments using GGE biplot and AMMI model. **Open Agriculture** 4 (1): 284-293.
- 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).
- Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M. and Zali, H. 2019.** Evaluation of durum wheat cultivars and promising lines for yield and yield stability in warm and dry areas using AMMI model and GGE Biplot. **Journal of Crop Breeding** 10 (28): 1-12. (In Persian with English Abstract).
- 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.
- Purchase, J. L., Hatting, H. and van Deventer, C. S. 2000.** Genotype × environment interaction of wheat in South Africa: stability analysis of yield performance. **South African Journal of Plant and Soil** 17 (3): 101-107.

- 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.
- 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).
- Seyedsadr, M. and Cornelius, P. L. 1992.** Shifted multiplicative model for nonadditive two-way tables. **Communications in Statistics - Simulation and Computation** 21: 807-822.
- 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.
- Taherian, M., Bihamta, M. R., Peyghambari, S. A., Alizadeh, H. and Rasoulnia, A. 2019.** Stability analysis and selection of salinity tolerant barley genotypes. **Journal of Crop Breeding** 29 (11): 93-103. (In Persian with English Abstract).
- 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., Sheny, Q. and Szlavnic, 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. and Barati, A. 2020.** Evaluation of selection index of ideal genotype (SIIG) in other to selection of barley promising lines with high yield and desirable agronomy traits. **Journal of Crop Breeding** 12 (34): 93-104. (In Persian with English Abstract).
- 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., Sabaghpour, S. H., Pezeshkpor, P., Safikhani, M., Sarparast, R. and Hashembaigi A. 2006.** Stability analysis of yield in chickpea genotypes using additive main effects and multiplicative interaction effects (AMMI). **Journal of Sciences and Technology of Agriculture and Natural Resources** 11 (42): 173-180. (In Persian with English Abstract).
- 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.



Evaluation of yield stability of barley promising lines using AMMI and SHMM methods

Ali Barati¹, Hassan Zali^{2*}, Iraj Lakzadeh³, Shirali Koohkan⁴, Jabbar Jafarby⁵, Arash Hosseinpour⁶, Mehdi Jabari², Akbar Marzoghiyan³ and Masoome Kheirgo⁵

Received: September 05, 2020

Accepted: December 13, 2020

Abstract

To determine the yield stability of barley promising lines, 17 lines along with three control genotypes were evaluated in five warm zone stations during two years (2017-2019) in randomized complete block design with three replications and their stability was determined using AMMI (additive main effects and multiplicative interaction) and SHMM (Shifted multiplicative model). Analysis of variance of grain yield using AMMI model showed that the effect of genotype, environment and genotype × environment interaction was significant at 1% probability level. Genotype × environment interaction analysis based on AMMI model showed that the four main components of interaction were significant at the level of 1% probability. These four components explained 84.7% of the changes in genotype × environment interaction. The lowest value of RMS PD was related to AMMI1 model. Therefore, the interpretation of the results using the AMMI1 model is more valid than the AMMI2 model. According to the AMMI2 model, lines WB-96-8 and WB-96-9 had specific adaptability with the Zabol region and line WB-96-12 had specific adaptability with Moghan. Lines WB-96-10, WB-96-17, WB-96-18 and WB-96-19 were the high-performance lines in this study. The grouping of locations based on the SHMM model created two groups. The first group includes Darab, Ahvaz and Zabol, which are part of the warm zone stations in the south of the country. The second group included Moghan and Gonbad stations (warm northern zone).

Keywords: Adaptability, Biplot, Genotype×environment interaction, Multivariate methods, Warm climate

1. Research Assist. Prof., Dept. of Cereal Research, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

2. Research Assist. Prof., Dept. of Crop and Horticultural Science Research, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran

3. Dept. of Crop and Horticultural Science Research, Khuzestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Ahvaz, Iran

4. Research Assist. Prof., Dept. of Crop and Horticultural Science Research, Sistan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Zabol, Iran

5. Research Instructor, Dept. of Crop and Horticultural Science Research, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gonbad, Iran

6. Research Assist. Prof., Dept. of Crop and Horticultural Science Research, Ardabil Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Moghan, Iran

* Corresponding author: hzali90@yahoo.com