


## Dissection of genotype $\times$ environment interaction and yield stability analysis in durum wheat using SHMM and GGE biplot models

Tohid Najafi Mirak<sup>1</sup>, Manouchehr Dastfal<sup>2</sup>, Manouchehr Sayyahfar<sup>3</sup>, Hossein Farzadi<sup>4</sup>,  
Shahryar Sasani<sup>5</sup>, Hassan Zali<sup>\*6</sup> 

1. Professor, Seed and Plant Improvement Department, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
2. Res. Instructor, Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran.
3. Assistant Prof., Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Khorramabad, Iran.
4. Res. Instructor, Crop and Horticultural Science Research Department, Dezful Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Dezful, Iran.
5. Associate Prof., Crop and Horticultural Science Research Department, Kermanshah Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Kermanshah, Iran.
6. Assistant Prof., Crop and Horticultural Science Research Department, Fars Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Darab, Iran.

**Citation:** Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Sayyahfar, M., Farzadi, H., Sasani, SH., Zali, H. (2024) Dissection of genotype  $\times$  environment interaction and yield stability analysis in durum wheat using SHMM and GGE biplot models. *Plant Productions*, 47(2),161-178

### Abstract

#### Introduction

Durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum) is an important crop for the human diet grown in many parts of the world predominantly for semolina and resulting pasta production. The presence of genotype  $\times$  environment interaction (GEI) is a challenge for breeders in evaluating genotypes in multilocal trials. The use of statistical models such as GGE biplot assist breeders in quantifying and understanding the patterns of GEI and in evaluating the performance of genotypes in various environmental conditions. This allows breeders to select stable and adaptable genotypes for a range of environments. One of the important goals of durum wheat breeding programs is to produce high-yielding cultivars that have suitable characteristics for cultivation in different regions of the country. Therefore, the aim of this research was to select promising durum wheat lines in terms of stability and high grain yield by GGE biplot and SHMM models.

---

\* Corresponding Author: Hassan Zali  
E-mail: HZali90@yahoo.com



### Materials and Methods

In this study, 17 promising lines of durum wheat with three check Hana, Aran, Mehregan in five research centers of Kermanshah, Khorramabad, Karaj, Dezful and Fars (Darab) in the form of randomized complete blocks design in 3 replications and in two cropping seasons (2020-2022) were cultivated and compared. The studied genotypes were planted in six lines along 6 m with a line distance of 15 cm. Seed rate was determined by 450 seeds per square meter considering the thousand kernel weight for each genotype. Seeds were sown using an experimental plot planter (Wintersteiger, Ried, Austria). The fertilizer composition was 32 kg ha<sup>-1</sup> nitrogen (twice), and diammonium phosphate and potassium sulfate were 100 and 50 kg ha<sup>-1</sup>, respectively (before planting). After the removal of perimeter plants, all experimental plots were harvested with an experimental grain harvester (Wintersteiger, Ried, Austria).

### Results and Discussion

The results of the combined variance analysis of grain yield showed that the differences between the test environments, genotypes and genotype x environment interaction effect are significant at the 1% level. The highest grain yield in the first year was observed in Kermanshah station (Ker1) (8441 kg ha<sup>-1</sup>) and the lowest seed yield in Khorramabad in the first year (Kho1) (5648 kg ha<sup>-1</sup>) and Karaj in the second year (Kar2) (5961 kg ha<sup>-1</sup>). GGE biplot analysis determined two durum wheat environmental groups. The first environmental group contained of Kho1, Dar1, Kar1, Kar2 and Dar2 environments, where the recommended genotypes 18, 17, 2 and 19 produced the highest yields. The second environmental group comprised of Kho2, Dez1, Ker2, Dez2 and Ker1 environments, where genotypes 12, 9 and 8 were the best adapted genotypes. Biplot results showed that genotypes 10, 5, 13, 18 and 16 were more stable than other genotypes, respectively. Comparison of the examined genotypes with the ideal genotype showed that genotypes 18 and 10 are the closest genotypes to the ideal genotype, which in addition to high grain yield, had high yield stability. Dar2 was the closest environment to the ideal environment. The results showed that the classification of environments based on the SHMM model was completely consistent with the GGE biplot model. Based on environmental vector of the biplot, Dar2 and Ker1 had high discriminating ability for the genotypes. Also, Dezful in the first and second year (Dez1 and Dez2), Karaj in the second year (Kar2) and Kermanshah in the second year (Ker2) showed low discriminating ability for genotypes. The environments that were placed in the same group were close to each other in terms of genotype x environment interaction values. Based on the SHMM model, the environments with the least cross over effects are placed in one group. Accordingly, the placement of Kermanshah and Dezful in the same group indicates the relative similarity of these places. Also, these results were confirmed by the GGE biplot model.

### Conclusion

As a conclusion, GGE biplot identified G10 (DW-99-10) and G18 (DW-99-18) as the superior durum wheat genotypes which that can be released as new commercial cultivars for the temperate and warm regions of Iran.

**Keywords:** Grain yield, Heat map, Multivariate methods, Promising genotypes, Yield performance

## تجزیه پایداری عملکرد گندم دوروم با استفاده از مدل های SHMM و GGE بای پلات

توحید نجفی میرک<sup>۱</sup>، منوچهر دست فال<sup>۲</sup>، منوچهر سیاح فر<sup>۳</sup>، حسین فرزادی<sup>۴</sup>، شهریار ساسانی<sup>۵</sup>، حسن زالی<sup>۶\*</sup>

- ۱- استاد پژوهشی، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۲- مربی پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران.
- ۳- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم آباد، ایران.
- ۴- مربی پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی صفی آباد دزفول، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، دزفول، ایران.
- ۵- دانشیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران.
- ۶- استادیار پژوهشی، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی فارس، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، داراب، ایران.

### چکیده

گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. var. durum) یک محصول مهم برای رژیم غذایی انسان است که در بسیاری از نقاط جهان عمدتاً برای سمولینا و در نتیجه تولید ماکارونی کشت می شود. به منظور بررسی پایداری عملکرد دانه، ۱۷ لاین امیدبخش گندم دوروم به همراه دو شاهد گندم دوروم (هانا و آران) و یک شاهد گندم نان (مهرگان) در مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه، خرم آباد، کرج، دزفول و فارس (داراب) مقایسه شدند. این تحقیق در قالب طرح بلوک های کامل تصادفی با ۳ تکرار و در دو سال زراعی (۱۳۹۹-۱۴۰۱) انجام شد. نتایج تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه نشان داد اختلاف بین محیط های اجرای آزمایش، ژنوتیپ ها و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سطح ۱ درصد معنی دار می باشد. بیشترین عملکرد دانه در سال اول اجرای آزمایش در کرمانشاه (Ker1) (۸۴۴۱ کیلوگرم در هکتار) و کمترین عملکرد دانه در خرم آباد در سال اول (Kho1) (۵۶۴۸ کیلوگرم در هکتار) و کرج در سال دوم (Kar2) (۵۹۶۱ کیلوگرم در هکتار) مشاهده شد. با توجه به نتایج GGE بای پلات، دو گروه محیطی مشخص گردید. اولین گروه محیطی شامل محیط های Kho1، Dar1، Kar1، Kar2 و Dar2 بود و ژنوتیپ های ۱۸، ۱۷، ۲ و ۱۹ جزء ژنوتیپ های برتر در این محیط ها بودند. دومین گروه محیطی شامل Kho2، Dez1، Ker2، Dez2، Ker1 و Ker2 بود و ژنوتیپ های ۱۲، ۹ و ۸ جزء ژنوتیپ های برتر در این محیط ها بودند. نتایج بای پلات نشان داد ژنوتیپ های ۱۰، ۵، ۱۳، ۱۸ و ۱۶ به ترتیب پایداری عملکرد بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپ ها داشتند. مقایسه ژنوتیپ های مورد بررسی با ژنوتیپ ایده آل نشان داد که ژنوتیپ های ۱۸ و ۱۰ به ترتیب

\* نویسنده مسئول: حسن زالی

نزدیک ترین ژنوتیپ‌ها به ژنوتیپ ایده آل می‌باشند که علاوه بر عملکرد بالای دانه، دارای پایداری عملکرد بالا نیز هستند. همچنین، Dar2 نزدیکترین محیط به محیط ایده آل بود. نتایج نشان داد دسته‌بندی محیط‌ها بر اساس مدل SHMM کاملاً با مدل GGE بای پلات انطباق داشت. محیط‌های Dar2 و Ker1 نسبت به سایر محیط‌ها از قابلیت تمایز بالایی برخوردار بودند. در نهایت نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های ۱۸ (DW-99-18) و ۱۰ (Dw-99-10) جزء بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد دانه بالا و پایداری عملکرد هستند. این لاین‌ها در آزمایشات تحقیقی - ترویجی در شرایط زارعین مورد بررسی بیشتر قرار خواهند گرفت و هر کدام از آنها که در مزارع زارعین نیز برتری خود را نشان دهد به‌عنوان رقم جدید برای مناطق معتدل و گرم کشور معرفی خواهد شد.

کلید واژه‌ها: روش‌های چندمتغیره، ژنوتیپ‌های امیدبخش، عملکرد دانه، کارایی عملکرد، نقشه حرارتی

#### مقدمه

گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. var. durum) یکی از غلات مهم است که در حدود ۱۷/۷ میلیون هکتار از اراضی کشاورزی سراسر جهان با میزان تولید سالانه ۳۷ تا ۴۰ میلیون تن کشت می‌شود (International Grains Council, 2021). گندم دوروم به‌واسطه خصوصیتی که آرد آن دارد عمدتاً در صنایع تولید ماکارونی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Gonzalez-Segura et al., 2014). یکی از اهداف مهم برنامه‌های به‌نژادی گندم دوروم، تولید ارقام پرمحصول که دارای ویژگی‌های مناسبی برای کشت در مناطق مختلف کشور باشند (Dastfal et al., 2022).

روش‌هایی که برای تجزیه محیط و تعیین پایداری و سازگاری ژنوتیپ‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرند، به‌طور مداوم در حال تکامل می‌باشند تا ارزیابی ژنوتیپ‌ها و مطالعه مولفه‌های برهمکنش محیطی با دقت بیشتری صورت گیرد (Taleghani et al., 2023).

با تجزیه و تحلیل برهم‌کنش ژنوتیپ × محیط (GEI; genotype × environment interaction)، ژنوتیپ‌های جدید سازگار با محیط‌های مختلف را می‌توان شناسایی کرد (Linus et al., 2023). برای متغیرهای کمی مانند عملکرد دانه، GEI به‌طور قابل توجهی توانایی انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را محدود می‌کند (Anderson et al., 2014). در واقع، اثر GEI همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی و فنوتیپی را کاهش

می‌دهد و مانع پیشرفت ژنتیکی در برنامه‌های اصلاح نباتات می‌شود. بنابراین، به حداقل رساندن اثرات GEI یکی از اهداف اصلی هر برنامه اصلاحی است (Rodrigues et al., 2014; Amelework et al., 2023). GEI را می‌توان با استفاده از روش‌های مختلف چندمتغیره به‌صورت گرافیکی و عددی تجزیه و تحلیل کرد. در میان روش‌های آماری، مدل اثرات اصلی افزایشی و برهمکنش ضربی (AMMI) و مدل‌های اثر اصلی ژنوتیپ (G) به‌علاوه GEI (GGE) بسیار مورد توجه هستند، زیرا این مدل‌ها به اصلاح‌کنندگان در درک الگوهای GEI و ارزیابی عملکرد ژنوتیپ‌ها کمک می‌کنند. تحت شرایط محیطی مختلف، این مدل‌ها به اصلاح‌کنندگان اجازه می‌دهند تا ژنوتیپ‌های پایدار و سازگار را برای بسیاری از محیط‌ها انتخاب کنند (Hossain et al., 2013). استفاده از روش‌های چندمتغیره مانند مدل‌های AMMI و GGE دارای مزایای متعددی نسبت به روش‌های دیگر هستند. مدل GGE بای پلات که نتایج را به شکل تصاویر گرافیکی ارائه می‌دهد، برای تفسیر GEI بسیار مفید است. با استفاده از این مدل، اصلاح‌کنندگان می‌توانند یک ژنوتیپ با عملکرد بالا را در یک محیط تولید هدف انتخاب کنند و یا محیط هدف را برای یک ژنوتیپ خاص شناسایی کنند (Gauch, 2006).

برهمکنش ژنوتیپ × محیط یا از نوع برهمکنش غیر متقاطع (Non-crossover interaction) و یا

گروه قرار گرفتند (Esmaeilzadeh Moghadam *et al.*, 2018). در تحقیقی دیگر برای گروه بندی ایستگاه-های کشت جو در اقلیم گرم کشور از روش SHMM استفاده شد. گروه بندی مکان ها بر مبنای مدل SHMM دو گروه ایجاد کرد. گروه اول شامل ایستگاه های اقلیم گرم جنوب کشور و گروه دوم شامل ایستگاه های گرم شمال کشور بود. در این بررسی روش SHMM به عنوان یک روش مناسب برای دسته بندی مکان های مورد آزمایش معرفی شد (Barati *et al.*, 2020).

هدف از این تحقیق، معرفی ژنوتیپ های امیدبخش گندم دوروم دارای عملکرد دانه بالا و پایدار جهت معرفی و کشت در اقلیم های مختلف کشور با استفاده از مدل های آماری چندمتغیره بود.

### مواد و روش ها

به منظور بررسی پایداری عملکرد دانه، ۱۷ لاین امیدبخش گندم دوروم به همراه دو شاهد گندم دوروم (هانا و آران) و یک شاهد گندم نان (مهرگان) (جدول ۱) در پنج مرکز تحقیقاتی کشاورزی و منابع طبیعی شامل کرمانشاه، خرم آباد، کرج، دزفول و فارس (ایستگاه داراب) مقایسه شدند. این تحقیق در قالب طرح بلوک-های کامل تصادفی با ۳ تکرار و در دو سال زراعی (۱۳۹۹-۱۴۰۱) انجام شد. شجره لاین های مورد بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است. زمین مورد کشت تحت تناوب دو ساله غلات- آیش بوده و عملیات تهیه زمین شامل یک نوبت شخم بهاره، یک نوبت دیسک، دو بار لولر عمود برهم، کودپاشی و ایجاد فارو بود. بذور آزمایشی قبل از کاشت به منظور جلوگیری از سیاهک پنهان با سم قارچ کش تبوکونازول (Tebuconazole) به نسبت ۲ در هزار ضد عفونی شدند. میزان بذر مصرفی بر اساس ۴۵۰ بذر در متر مربع برای هر ژنوتیپ تعیین شد و کاشت با استفاده از دستگاه بذرکار آزمایشی غلات (Wintersteiger, Austria) انجام شد. میزان مصرف کود شیمیایی به صورت ۵۰ کیلوگرم در هکتار سولفات

برهمکنش متقاطع (Crossover interaction) می باشد (Baye *et al.*, 2011). در یک برنامه ی اصلاحی هنگامی که برهمکنش از نوع غیرمتقاطع باشد، می توان آن را نادیده گرفت و تنها بر پایه عملکرد داوری کرد. اما اگر برهمکنش از نوع متقاطع باشد، می بایستی اثر گذاری ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ × محیط به طور هم زمان در نظر گرفته شود و نباید تنها تأثیر ژنوتیپ را مدنظر قرار داد (Yan and Kang, 2003). مدل ضرب پذیر تغییر یافته یا SHMM (Shifted multiplicative model) به منظور گروه بندی ژنوتیپ-ها یا محیط ها معرفی شده است (Seyedsadr and Cornelius, 1992). روش SHMM قابلیت بالایی برای تشخیص برهمکنش غیرمتقاطع از متقاطع دارد (Yan and Kang, 2003). رسم نمودار خوشه ای به-روش پیوستگی کامل و بر پایه شاخص فاصله بدست آمده در مدل SHMM، این امکان را برای اصلاح گر بوجود می آورد که گروه هایی از محیط ها که در آن اثر متقابل باعث تغییر رتبه ژنوتیپ ها نمی شود، را شناسایی کند (Crossa *et al.*, 1993). از توانمندی بالای این روش کاربرد آن با تعداد محیط و یا ژنوتیپ بسیار زیاد است. استفاده از مدل SHMM در بسیاری از تحقیقات به منظور دسته بندی محیط ها و ژنوتیپ ها گزارش شده است. (Cornelius *et al.*, 1992; Crossa and Cornelius, 1993; Karimizadeh and Mohammadi, 2015; Esmaeilzadeh-Moghaddam *et al.*, 2018).

در یک بررسی به منظور شناسایی محیط های بزرگ در ژنوتیپ های گندم نان از نظر عملکرد دانه و با استفاده از داده های ۹۶۳ آزمایش از مدل های SHMM و SREG شد و مکان های مورد بررسی در چهار گروه دسته بندی نمودند (Threthowan *et al.*, 2003). در تحقیقی به منظور بررسی پایداری عملکرد دانه در ژنوتیپ های گندم نان در مناطق گرم و خشک و هم چنین دسته بندی محیط های مورد بررسی از روش SHMM استفاده شد. در این تحقیق ۱۲ محیط مورد بررسی در ۳

نجفی میرک و همکاران: تجزیه پایداری عملکرد گندم دوروم با...

$\eta_{2j}$  به ترتیب بردارهای ویژه محیط  $\lambda_m$  برای PC1 و PC2 می باشد (Yan et al., 2000).

معادله مدل تجزیه SHMM با N مؤلفه ضرب-پذیر، به منظور بررسی برهمکنش ژنوتیپ  $\times$  محیط به-صورت رابطه ۳ می باشد (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  $\lambda_m$  در محیط  $\beta$  پارامتر تغییر؛  $\lambda_n$  مقدار منفرد برای n مؤلفه؛  $\gamma_{in}$  و  $\delta_{jn}$  به ترتیب اثرات اولیه ژنوتیپ  $\lambda_m$  و محیط  $\lambda_m$ ؛  $\gamma_{i1}$  و  $\delta_{j2}$  اثرات ثانویه ژنوتیپ  $\lambda_m$  و محیط  $\lambda_m$  و غیره و  $\rho_{ij}$  باقی مانده غیرقابل توضیح به وسیله مؤلفه های اولیه، ثانویه و غیره است.

به منظور رسم نمودارهای GGE بای پلات و تجزیه واریانس مرکب داده ها از بسته تجزیه آزمایش های چندمحیطی (metan) در محیط برنامه نویسی R استفاده شد (Olivoto and Nardino, 2020). برای محاسبه مدل SHMM از نرم افزار SAS استفاده شد.

پتاس و ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار دی آمونیوم فسفات به-صورت پایه و قبل از کاشت بود. از طرفی کود اوره به-صورت سرک به مقدار ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار در مراحل پنجه زنی و ساقه رفتن از طریق آب آبیاری به زمین اضافه شد. هر کرت آزمایشی شامل ۲ پشته به عرض ۶۰ سانتی متر بود که روی هر پشته ۳ خط ۵ متری به فاصله ۲۰ سانتی متر کشت شد. برای مبارزه با علف های هرز پهن-برگ و باریک برگ به ترتیب از بوکتریل یونیورسال (Buctril universal) و تراکسوس (Traxos) هر کدام به مقدار ۱/۵ لیتر در هکتار استفاده شد. برای برآورد عملکرد دانه پس از حذف حاشیه، برداشت همه کرت (۶ متر مربع) با استفاده از کمباین آزمایشی غلات (Wintersteiger, Austria) انجام شد.

### مدل GGE بای پلات

روش GGE بای پلات، اثر ژنوتیپ (G) و برهمکنش ژنوتیپ  $\times$  محیط (GE) را با هم حفظ می کند و GGE را به دو جزء ضربی تجزیه می کند. مدل استفاده شده در GGE بای پلات به صورت رابطه ۱ است:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{1j} + g_{i2}e_{2j} + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

که در آن  $g_{i1}$  و  $e_{1j}$  را نمرات اولیه برای ژنوتیپ  $i$  و محیط  $j$  گویند،  $g_{i2}$  و  $e_{2j}$  را نمرات ثانویه برای ژنوتیپ  $i$  و محیط  $j$  می نامند و  $\varepsilon_{ij}$  باقیمانده ای است که به وسیله اثرات اولیه و ثانویه توضیح داده نمی شود.

یک بای پلات GGE با رسم  $g_{i1}$  در مقابل  $g_{i2}$  و  $e_{1j}$  در مقابل  $e_{2j}$  در یک نمودار پراکنش، رسم می شود. نمرات اولیه از طریق تجزیه به مقادیر منفرد (SVD) تجزیه می شوند که معادله به صورت رابطه ۲ تبدیل می-شود:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{2j} + \varepsilon_{ij} \quad (2)$$

در این معادله  $\lambda_1$  و  $\lambda_2$  به ترتیب مقادیر منفرد اولین و دومین مؤلفه اصلی (PC1 و PC2)،  $\xi_{i1}$  و  $\xi_{i2}$  به ترتیب بردارهای ویژه ژنوتیپ  $\lambda_m$  برای PC1 و PC2 و  $\eta_{1j}$  و

**Table 1. Pedigree of examined durum wheat promising lines in 2020-2022 cropping seasons.**

Genotypes	Code	Pedigree
G1	DW-99-1	Aran (Check)
G2	DW-99-2	Hana (Check)
G3	DW-99-3	Mehregan (Check)
G4	DW-99-4	GERUFTEL-1//GUAYACAN INIA/2*SNITAN
G5	DW-99-5	CEMEXI C 2008/5/2*GUAYACAN INIA/POMA_2//SNITAN/4/D86135/ACO89//PORRON_4/3/ SNITAN
G6	DW-99-6	ALTAR 84/BINTEPE 85/3/STOT//ALTAR 84/ALD/4/POD_11/YAZI_1/5/VANRRRIKSE_12/SNITAN /6/ SOOTY_9/RASCON_37//WODUCK/CHAM_3/10/CHEN_1/TEZ/3/GUIL//CIT71/CII/4/ SORA /PLATA _12/5/STOT//ALTAR 84/ALD/9/USDA595/3/D67.3/RABI//CRA/4/ALO/5/HUI/YAV_1/6/ ARDENTE/7/ HUI/ YAV79
G7	DW-99-7	TUNSYR-2/6/ALTAR 84/STINT//SILVER_45/3/GUANAY/4/GREEN_14//YAV_10/AUK/5/ SOMAT_4/ INTER_8/10/SWAHEN_2/KIRKI_8//PROZANA_1/4/ADAMAR_15//ALBIA_1/ALTAR 84/3/SNITAN/9/ GUAYACAN INIA/GUANAY/8/GEDIZ/FGO//GTA/3/SRN_1/4/TOTUS/5/ ENTE/MEXI_2//HUI/4/ YAV_1/3/LD357E/2
G8	DW-99-8	CEMEXI C 2008/5/2*GUAYACAN INIA/POMA_2//SNITAN/4/D86135/ACO89//PORRON_4/3/ SNITAN
G9	DW-99-9	CIRNO C 2008/5/CMH85.797//CADO/BOOMER_33/4/ARMENT//SRN_3/NIGRIS_4/3/CANELO _9.1
G10	DW-99-10	SOMAT_3/PHAX_1//TILO_1/LOTUS_4/3/GUANAY/5/NETTA_4/DUKEM_12//RASC ON_19/3/SORA/2*PLATA_12/4/GREEN_18/FOCHA_1//AIRO_1/6/PLATA_6/GREE N_17/3/CHEN/AUK//BISU*2/5/PLATA_3//CREX/ALLA/3/SOMBRA_20/4/SILVER_14 /MOEWE
G11	DW-99-11	SWAHEN_2/KIRKI_8//PROZANA_1/4/ADAMAR_15//ALBIA_1/ALTAR 84/3/SNITAN/9/GUAYACAN INIA/GUANAY/8/GEDIZ/FGO//GTA/3/SRN_1/4/TOTUS/5/ENTE/MEXI_2//HUI/4/YA V_1/3/LD357E/2*TC60//JO69/6/SOMBRA_20/7/JUPARE C 2001/10/PLATA_6/GREEN_17/3/CHEN/AUK//BISU*2/5/ PLATA_3//
G12	DW-99-12	MOHAWK/6/LOTUS_5/F3LOCAL(SEL.ETHIO.135.85)/5/CHEN/ALTAR 84/3/HUI/POC//BUB/ RUFO /4/FNFOOT/7/SORA/2*PLATA_12/3/SORA/2*PLATA_12//SOMAT_3/4/AJAIA_13/YA ZI //DIPPER_2/ BUSHEN_3
G13	DW-99-13	GEROMTEL-3/5/ARMENT//2*SOOTY_9/RASCON_37/4/CNDO/PRIMADUR//HAI- OU_17/3/SNITAN
G14	DW-99-14	MÂALI/5/1A.1D 5+1- 06/3*MOJO//RCOL/4/ARMENT//SRN_3/NIGRIS_4/3/CANELO_9.1/11/SELIM /10/RCOL/THKNEE_2/9/USDA595/3/D67.3/RABI//CRA/4/ALO/5/HUI/YAV_1/6/ARD ENTE/7/HUI/YAV79/8/POD_9
G15	DW-99-15	ASA DE CORVO/4/ATIL/3/KNIPA/TAGUA//PLANETA/TRILE
G16	DW-99-16	ALTAR 84/STINT//SILVER_45/3/GUANAY/4/GREEN_14//YAV_10/AUK/5/GUAYACAN INIA/YEBAS_8 /3/TOPTY_18/FOCHA_1//ALTAR 84/6/CBC 514 CHILE/3/AUK/GUIL//GREEN
G17	DW-99-17	CBC 509 CHILE/6/ECO/CMH76A.722//BIT/3/ALTAR 84/4/AJAIA_2/5/KJOVE_1/7/AJAIA_12/ F3LOCAL (SEL.ETHIO.135.85)//PLATA_13/8/SOOTY_9/RASCON_37// WODUCK/CHAM_3*2/9/ HUBEI// SOOTY_9/RASCON_37/3/2*SOOTY_9/RASCON_37/4/2*SOOTY_9/RASCON_37
G18	DW-99-18	SARAGOLLA/12/SOOTY_9/RASCON_37/3/SOOTY_9/TARRO_1//AJAIA_2/10/PLAT A_10/6/MQUE/4/USDA573//QFN/AA_7/3/ALBA-D/5/AVO/HUI/7/PLATA_13/8/ THKNEE_11/9/CHEN/ALTAR 84/3/ HUI /POC//BUB/RUFO/4/FNFOOT/11/RISSA/GAN//POHO_1/3/PLATA_3//CREX/ALLA/4/ JUPARE C 2001/5/ARMENT
G19	DW-99-19	T.DIC 1460/MEXI75//MEXI75/T.MONOC.2433/3/CEMEXI C 2008/4/SOOTY_9/RASCON_37
G20	DW-99-20	Ter1//Mrf1/Stj2/3/lcasyr1

### نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه نشان داد اختلاف بین محیط‌های اجرای آزمایش، ژنوتیپ‌ها و اثرات متقابل در سطح ۱ درصد معنی‌دار می‌باشد (جدول ۲). معنی‌دار بودن اثر ژنوتیپ نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر عملکرد دانه متفاوت بوده و دارای تنوع می‌باشند. وجود اختلاف معنی‌دار بین عملکرد دانه در محیط‌های مختلف نشان می‌دهد پاسخ ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مورد بررسی یکسان نبوده و در محیط‌های مختلف، ژنوتیپ‌های متفاوتی دارای بیشترین عملکرد دانه بوده‌اند. به عبارت دیگر وجود تنوع ژنتیکی برای عملکرد دانه، احتمال شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر تطبیق با هر یک شرایط محیطی را افزایش می‌دهد. این نتیجه به‌طور مشخصی با پاسخ متفاوت هر یک از ژنوتیپ‌ها و همچنین اثر متقابل آن‌ها با محیط قابل توجیه می‌باشد (Najafi Mirak *et al.*, 2018).

در شکل ۱ نمودار گرمایی پراکنش عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم در محیط‌های مورد بررسی

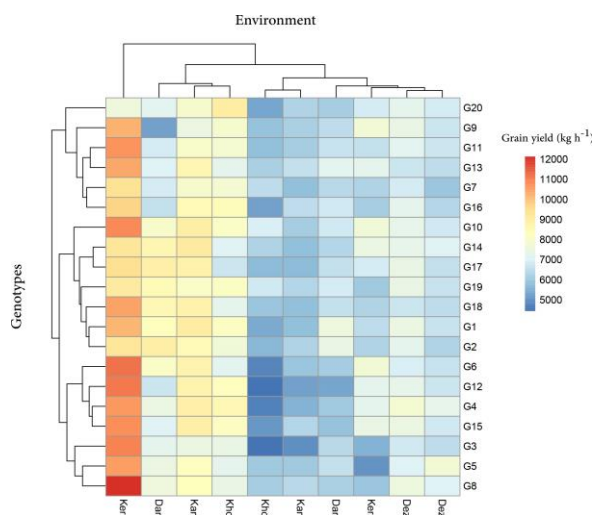
نشان داده شده است. این نمودارها قابلیت شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار را دارند. همچنین در این نمودارهای گرمایی، عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط بیانگر تنوع درون آن محیط است، به طوری که هر اندازه رنگ‌های مربوط به ژنوتیپ‌های درون آن محیط متفاوت باشند، بیانگر تنوع بین ژنوتیپ‌ها درون آن محیط‌ها است (Krimizadeh *et al.*, 2020; Zali *et al.*, 2021; Najafi Mirak *et al.*, 2023). بررسی پراکنش ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مورد بررسی در شکل ۱، نشان‌دهنده تفاوت ژنوتیپ‌های مختلف گندم دوروم از نظر عملکرد دانه در یک محیط و همچنین تفاوت میانگین آن‌ها از محیطی به محیط دیگر است. بر مبنای شکل ۱، بیشترین عملکرد دانه در سال اول اجرای آزمایش در کرمانشاه (Ker1) (۸۴۴۱ کیلوگرم در هکتار) و کمترین عملکرد دانه در خرم‌آباد در سال اول (Kho1) (۵۶۴۸ کیلوگرم در هکتار) و کرج در سال دوم (Kar2) (۵۹۶۱ کیلوگرم در هکتار) مشاهده شد.

**Table 2- The results of the combined variance analysis of the grain yield of durum wheat genotypes during two cropping years (2020-2022)**

S.O.V	df	Mean of square (MS)
Environment (Env)	9	105840592**
Location (Loc)	4	56052747**
Year	1	66287208**
Loc × Year	4	165516783**
Error I	20	829943
Genotype (Gen)	19	1401057**
Env × Gen	171	1264069**
Gen × Loc	76	1371042**
Gen × Year	19	781552**
Gen × Loc × Year	76	1277724**
Error	380	314406
CV (%)	7.71	

\*\* : Significant at the probability level of 1%





**Figure 1. Heat map of grain yield distribution of 20 durum wheat genotypes in 10 investigated environments.**

Environmental codes Dar, Ker, Dez, Kho and Kar represent the stations of Darab, Kermanshah, Dezful, Khoramabad and Karaj, respectively. The number 1 and 2 in the environmental codes are the first year (2020-2021) and the second year (2021-2022), respectively.

نمودار چند ضلعی شکل ۲A به منظور تعیین ژنوتیپ‌های برتر در محیط‌های مورد بررسی و مشخص نمودن محیط‌های بزرگ نشان داد که ژنوتیپ‌های ۱۲، ۹، ۲۰، ۱۹، ۲، ۱۷، ۱۸ و ۸ در رئوس چند ضلعی قرار دارند. قرار گرفتن ژنوتیپ ۱۳ نزدیک به مبدا نشان می‌دهد که این ژنوتیپ در کلیه محیط‌ها دارای رتبه یکسانی بوده و به محیط‌های مورد بررسی واکنش نشان نمی‌دهد.

با توجه به بای پلات شکل ۲A، در این بررسی دو گروه محیطی مشخص گردید. اولین گروه محیطی شامل محیط‌های Dar2، Kar2، Kar1، Dar1، Kho1 بود و ژنوتیپ‌های ۱۸، ۱۷، ۲ و ۱۹ جزء ژنوتیپ‌های برتر در این محیط‌ها بودند. دومین گروه محیطی شامل Kho2، Dez1، Ker2، Dez2 و Ker1 بود و ژنوتیپ‌های ۱۲، ۹ و ۸ جزء ژنوتیپ‌های برتر در این محیط‌ها بودند (شکل ۲A).

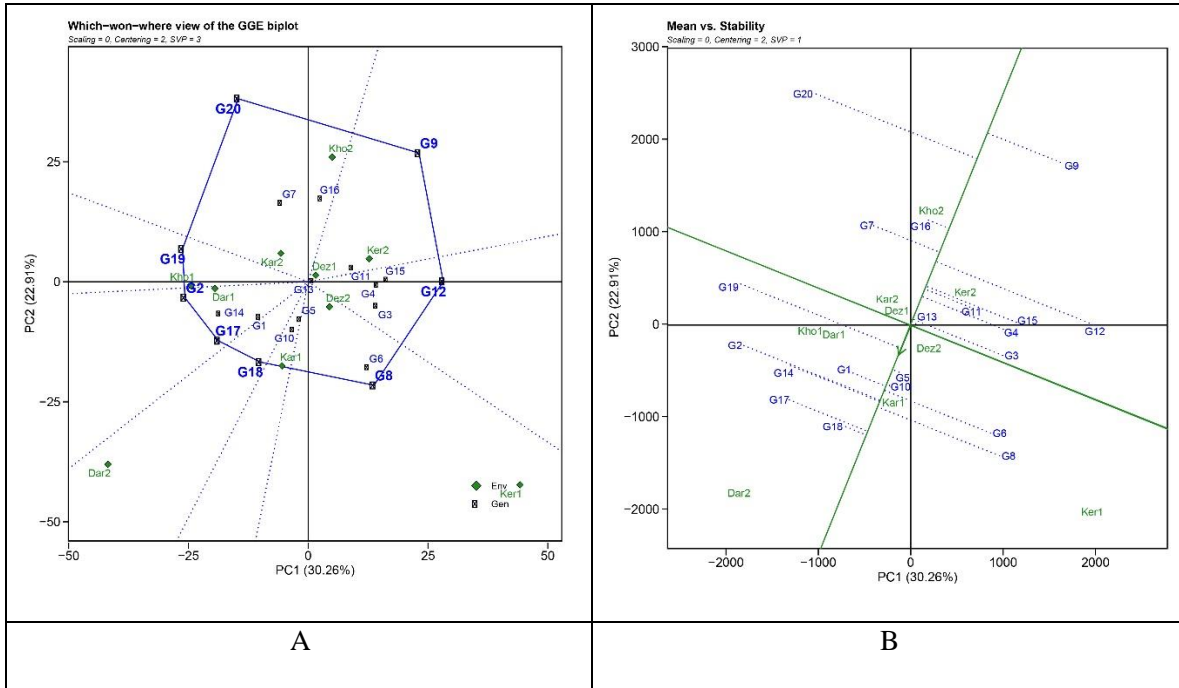
زمانی که رتبه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف متفاوت باشد تأییدکننده برهمکنش متقاطع است. از طرفی قرار گرفتن برخی از محیط‌ها در گروه‌های مشابه نشان می‌دهد که رتبه ژنوتیپ‌ها در محیط‌های یک گروه خاص تغییرات زیادی ندارد که نشان دهنده برهمکنش غیرمتقاطع است (Yan and Tinker, 2005). این نتایج نشان داد در

نتایج حاصل از GGE بای پلات نشان داد که مؤلفه‌های اصلی اول و دوم به ترتیب ۳۰/۲۶ و ۲۲/۹۱ درصد و در مجموع ۵۳/۱۷ درصد کل تغییرات را توجیه نمودند (شکل ۲). Yan and Tinker (2005) بیان نمودند درصد پایین توجیه تغییرات توسط مؤلفه‌های اصلی اول و دوم، به علت ماهیت پیچیده برهمکنش ژنوتیپ × محیط می‌باشد و لزوماً بیانگر غیرمعتبر بودن بای پلات نیست. (Najafi 2023) Mirak *et al.* در بررسی ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم در ۶ مکان با استفاده از مدل GGE بای پلات، سهم مؤلفه‌های اول و دوم را به ترتیب ۳۳/۳۶ و ۲۳/۷۲ درصد گزارش نمودند. در یک بررسی دیگر، محمدی و همکاران (2016) Mohammadi *et al.* نیز سهم دو مؤلفه اول و دوم را به ترتیب ۳۲/۲ و ۱۶/۷ درصد در گندم دوروم گزارش کردند. نمایش چند ضلعی برهمکنش ژنوتیپ × محیط با استفاده از مدل GGE بای پلات در آزمایشات چند محیطی یکی از مناسب‌ترین روش‌ها برای مشاهده الگوهای برهمکنش ژنوتیپ × محیط می‌باشد (Yan *et al.*, 2000). در نمودار چند ضلعی ژنوتیپ‌هایی که بیشترین فاصله را از مرکز بای پلات دارند ممکن است جزء بهترین یا ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها در یک یا چند محیط باشند. بنابراین، بررسی

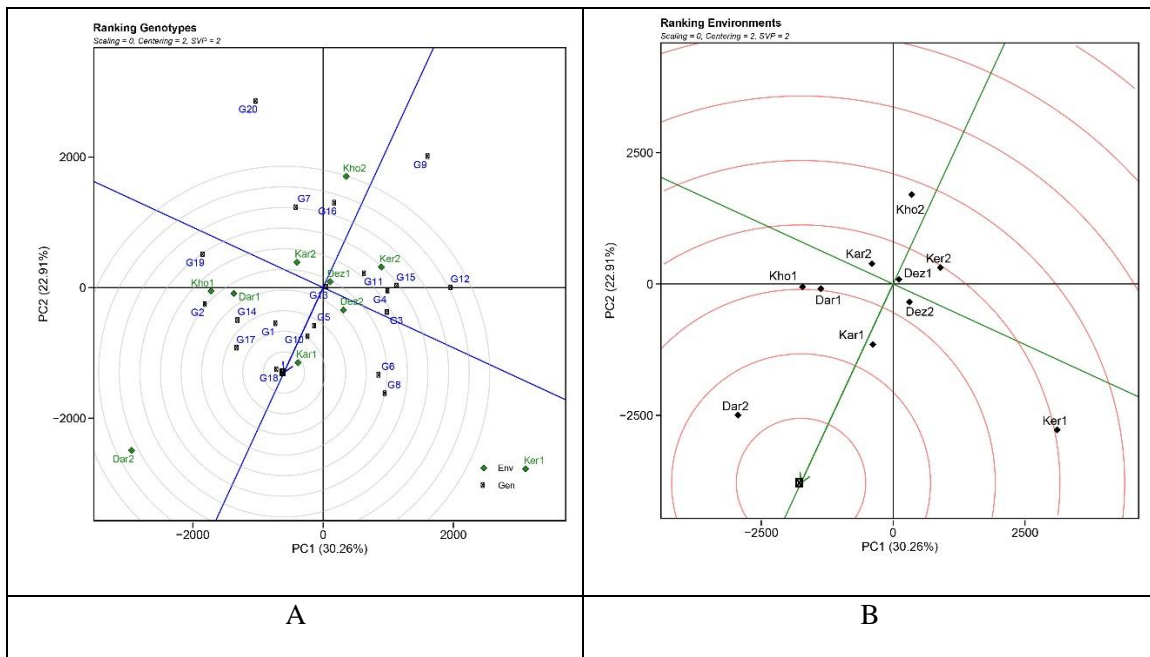
با تعیین مقدار همبستگی بین محیطها در آزمایشات سازگاری، می توان محیطهای مشابه را شناسایی و حذف نمود که این امر منجر به کاهش هزینهها در برنامههای تحقیقاتی خواهد شد (Yan and Rajcan, 2002). مقایسه بردارهای محیطی مورد بررسی (شکل ۴) نشان داد که شرایط آب و هوایی در دو سال اجرای آزمایش در کرمانشاه، خرم آباد، دزفول و کرج باهم تفاوت داشته است (زاویه محیطها نزدیک به ۹۰ درجه) و بنابراین، به عنوان محیطهای مجزا در نظر گرفته می شوند و تنها در داراب شرایط آب و هوایی اجرای آزمایش در هر دو سال مشابه بوده است (زاویه بین Dar1 و Dar2 نزدیک به ۴۵ درجه). ویژگی مهم دیگر در بای پلات همبستگی بین محیطها، قابلیت تمایز محیطهاست. قابلیت تمایز، یکی از ویژگیهای مهم هر محیط بوده به طوری که محیطهای فاقد قابلیت تمایز نمی توانند اطلاعات مفیدی در مورد ژنوتیپها را ارائه کنند. در بای پلات همبستگی بین محیطها، بردارهای بلندتر انحراف معیار بیش تر و در نتیجه قابلیت تمایز بیش تری دارند (Yan and Rajcan, 2002). بررسی بردارهای محیطی برای مناطق مورد بررسی نشان داد که محیطهای Dar2 و Ker1 با بلندترین طول بردار محیطی نسبت به سایر محیطها از قابلیت تمایز بالایی برخوردار هستند و از طرفی دزفول در سال اول و دوم (Dez1 و Dez2)، Kar2 و Ker2 با کمترین طول بردار محیطی نشان داد که از قابلیت تمایز پایینی برای ژنوتیپها برخوردار است. در تحقیقی به منظور بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در گندم دوروم، دزفول از کمترین میزان تمایز برخوردار بود. همچنین آنها بیان کردند مناطق خرم آباد، داراب و کرج جزء مناطقی هستند که عمدتاً دارای قابلیت تمایز بالایی بوده و می توانند در آزمایشات بررسی ارقام در بین لاینها و ارقام مورد بررسی تمایز مناسبی ایجاد نمایند (Najafi Mirak et al., 2023).

شرایط این بررسی هر دو نوع برهمکنش متقاطع و غیرمتقاطع برای عملکرد دانه وجود دارد (شکل ۲A). به منظور بررسی هم زمان پایداری و عملکرد ژنوتیپها از بای پلات مختصات محیط متوسط (AEC; Average environment coordination) استفاده شد (شکل ۲B). در این بای پلات، محوری که دارای یک پیکان است، از مبدأ مختصات می گذرد بیانگر برهمکنش ژنوتیپ × محیط بوده و پایداری ارقام را تعیین می کند. هر چقدر تصویر لاین ها روی این محور بلندتر باشد نشان دهنده سهم بیشتر ژنوتیپها در برهمکنش ژنوتیپ × محیط است و ناپایداری ژنوتیپها را نشان می دهد (Yan and Kang, 2003). نتایج بای پلات (شکل ۲B) نشان داد ژنوتیپهای ۸، ۶، ۲، ۱۹، ۱۲ و ۲۰ با بیشترین تصویر روی محور AEC، جزء ناپایدارترین ژنوتیپها بودند. از طرفی ژنوتیپهای ۱۰، ۵، ۱۳، ۱۸ و ۱۶ به ترتیب با کمترین تصویر روی محور AEC، پایداری بیشتری نسبت به سایر ژنوتیپها داشتند. کاربرد GGE بای پلات برای تعیین ژنوتیپهای پایدار در سایر تحقیقات نیز گزارش شده است (Mohammadi et al., 2016؛ Pour-Ahmadi et al., 2021). (Aboughadareh et al., 2023).

به منظور تعیین ژنوتیپ ایده آل از بای پلات شکل ۳A استفاده شد. در این بای پلات ژنوتیپ ایده آل، ژنوتیپی فرضی است که دارای بیش ترین عملکرد و پایداری بوده و از نظر مکانی در مراکز دوایر متحدالمركز بای پلات قرار دارد. میزان مطلوبیت لاینها به فاصله آنها از ژنوتیپ مطلوب بستگی دارد (Yan, 2001). مقایسه ژنوتیپهای مورد بررسی با ژنوتیپ ایده آل (شکل ۳A) نشان داد که ژنوتیپهای ۱۸ و ۱۰ به ترتیب نزدیکترین ژنوتیپها به ژنوتیپ ایده آل می باشد که علاوه بر عملکرد دانه بالا، دارای پایداری عملکرد بالایی هستند (شکل ۳A). از شکل ۳B به منظور رتبه بندی محیطهای ایده آل مورد بررسی استفاده شد. نتایج نشان داد که Dar2 نزدیکترین محیط به محیط ایده آل می باشد.

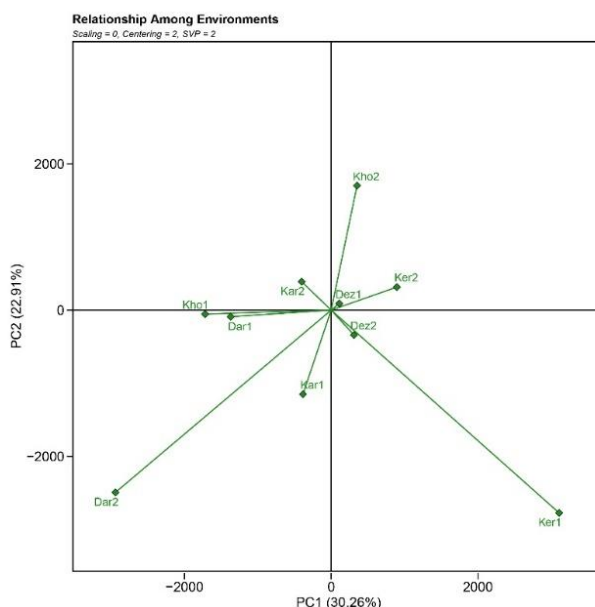


**Figure 2. (A) Polygon of GGE biplot to determination durum wheat best promising lines, (B) Biplot of the average-environment coordination (AEC) for simultaneously, selection of seed yield and stability of durum wheat promising lines in 10 investigated environments. Environmental codes Dar, Ker, Dez, Kho and Kar represent the stations of Darab, Kermanshah, Dezful, Khoramabad and Karaj, respectively. The number 1 and 2 in the environmental codes are the first year (2020-2021) and the second year (2021-2022), respectively.**



**Figure 3. (A) Biplot of durum wheat genotypes comparison with ideal genotype based on seed yield and stability (B) Biplot of durum wheat genotypes comparison with ideal environment. Environmental codes Dar, Ker, Dez, Kho and Kar represent the stations of Darab, Kermanshah, Dezful, Khoramabad and Karaj, respectively. The number 1 and 2 in the environmental codes are the first year (2020-2021) and the second year (2021-2022), respectively.**

نجفی میرک و همکاران: تجزیه پایداری عملکرد گندم دوروم با...



**Figure 4. Biplot of correlation map among environment**  
Environmental codes Dar, Ker, Dez, Kho and Kar represent the stations of Darab, Kermanshah, Dezful, Khoramabad and Karaj, respectively. The number 1 and 2 in the environmental codes are the first year (2020-2021) and the second year (2021-2022), respectively.

ژنوتیپ‌ها در گروه دو قرار گرفتند (شکل ۶). در مجموع یک انطباق نسبی بین گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از مدل SHMM و AMMI وجود داشت.

محیط‌هایی که در یک گروه قرار گرفتند، از نظر مقادیر برهمکنش ژنوتیپ × محیط نزدیک به هم بوده‌اند. براساس مدل SHMM، محیط‌ها با حداقل اثر متقاطع از یک گروه قرار می‌گیرند. به نظر می‌رسد قرار گرفتن کرمانشاه و دزفول در یک گروه نشان از مشابهت نسبی این مکان‌ها است که نشان از برهمکنش افزایشی یا غیر-متقاطع است. هم‌چنین این نتایج در مدل GGE بای‌پلات هم تأیید شد. از روش SHMM به‌منظور گروه‌بندی محیط‌های با برهمکنش غیرمتقاطع اولین بار توسط کورنلیوس و همکاران (Cornelius *et al.*, 1992) استفاده شده است. کاربرد مدل SHMM در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط و دسته‌بندی محیط‌ها در گیاهان مختلف از جمله جو (Hernandez-Segundo *et al.*, 2009)، گندم نان (Esmaeillzadeh

برهمکنش ژنوتیپ × محیط با استفاده از مدل SHMM نیز تجزیه شد. در جدول ۳ مراحل دسته‌بندی محیط‌ها شامل دسته‌های مشترک و معیار فاصله آن‌ها با استفاده از مدل SHMM نشان داده شده است. مطابق با جدول ۳، مقادیر فاصله محیط‌ها بین ۰/۲۷۸ تا ۲/۸۱۸ قرار داشت. گروه‌بندی محیط‌ها بر مبنای مدل SHMM و قطع دندروگرام در نقطه ۲/۸۱۸ (جدول ۳)، دو گروه از محیط‌ها را مشخص کرد (شکل ۵). گروه اول شامل داراب (Dar1 و Dar2) و کرج (Kar1 و Kar2) و محیط Kho1 بود. در گروه ۲ کرمانشاه (Ker2) و دزفول (Dez1 و Dez2) و محیط Kho2 قرار گرفتند. نتایج نشان داد دسته‌بندی محیط‌ها بر اساس مدل SHMM کاملاً با مدل GGE بای‌پلات انطباق داشت.

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر مبنای مدل SHMM و قطع دندروگرام در نقطه ۲، دو گروه از ژنوتیپ‌ها را مشخص کرد. گروه اول شامل ژنوتیپ‌های ۱، ۲، ۱۸، ۱۹، ۱۴، ۱۷، ۲۰، ۳، ۸، ۱۱، ۱۶ و ۵ بودند و سایر

بودن مناطق داراب و دزفول میانگین ارتفاع بوته در این مناطق از سایر مناطق سردسیر و معتدل بیشتر بود. بیشترین و کمترین میانگین وزن هزار دانه به ترتیب مربوط به داراب (۵۲ گرم) و کرمانشاه (۳۲ گرم) بود. هر چند کرمانشاه جزء مناطق سردسیر می باشد ولی کاهش میانگین وزن هزار دانه نشان دهنده تنش های محیطی از جمله خشکی و گرما در زمان پر شدن دانه می باشد که منجر به کاهش وزن هزار دانه در این منطقه شده است.

در هیچ کدام از مناطق مورد بررسی بیماری های گیاهی گزارش نشده است. همچنین در مناطق داراب، کرج و خرم آباد خوابیدگی بوته مشاهده نشد. ولی در دزفول و کرمانشاه خوابیدگی بوته گزارش شده است که بیشترین میانگین خوابیدگی بوته (۲۷ درصد) در کرمانشاه مشاهده شد. در این منطقه ژنوتیپ های ۸، ۵ و ۱۱ به ترتیب با ۵۹، ۵۷ و ۵۵ درصد بیشترین خوابیدگی بوته را نشان دادند. در دزفول میانگین شدت خوابیدگی بوته ها ۹/۳ درصد بود (نتایج نشان داده نشده است).

(Moghadam *et al.*, 2018 و عدس (Karimizadeh and Mohammadi, 2015) گزارش شده است. در تحقیقی به منظور بررسی پایداری عملکرد دانه در ژنوتیپ های گندم نان در مناطق گرم و خشک و هم چنین دسته بندی محیط های مورد بررسی از روش SHMM استفاده شد. در این تحقیق ۱۲ محیط مورد بررسی در گروه ۳ قرار گرفتند (Esmaeillzadeh Moghadam *et al.*, 2018).

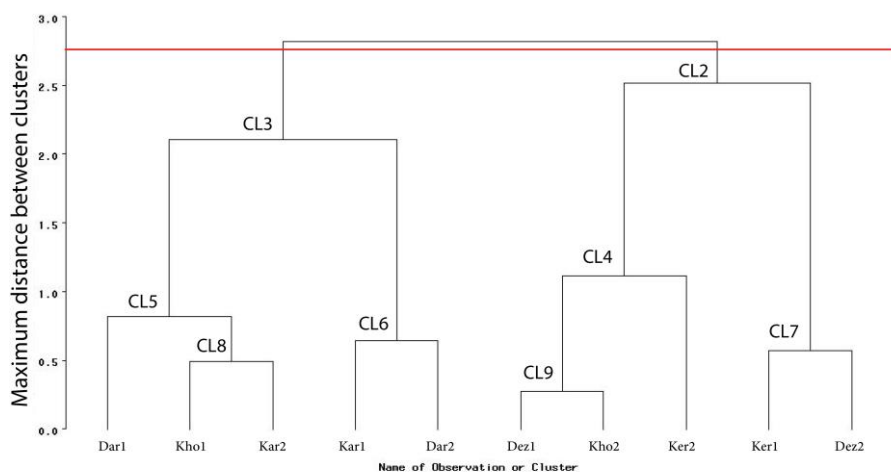
میانگین صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد روز تا رسیدگی، ارتفاع بوته و وزن هزار دانه مربوط به مناطق مختلف مورد بررسی در جدول ۴ نشان داده شده است. نتایج نشان داد کمترین میانگین طول دوره ظهور سنبله به ترتیب مربوط به دزفول و داراب (۹۸ و ۱۰۷ روز) می باشد و بیشترین میانگین طول دوره ظهور سنبله به ترتیب در کرمانشاه و کرج (۱۷۴ و ۱۷۲ روز) مشاهده شد. از طرفی هم کمترین میانگین طول دوره رسیدگی مربوط به مناطق دزفول و داراب بود ولی میانگین طول دوره پر شدن دانه در داراب کوتاهتر از دزفول بود که این مطلب احتمالاً به دلیل شرایط اقلیمی می باشد. با وجود گرمسیر

**Table 3. Clustering steps of SHMM procedure**

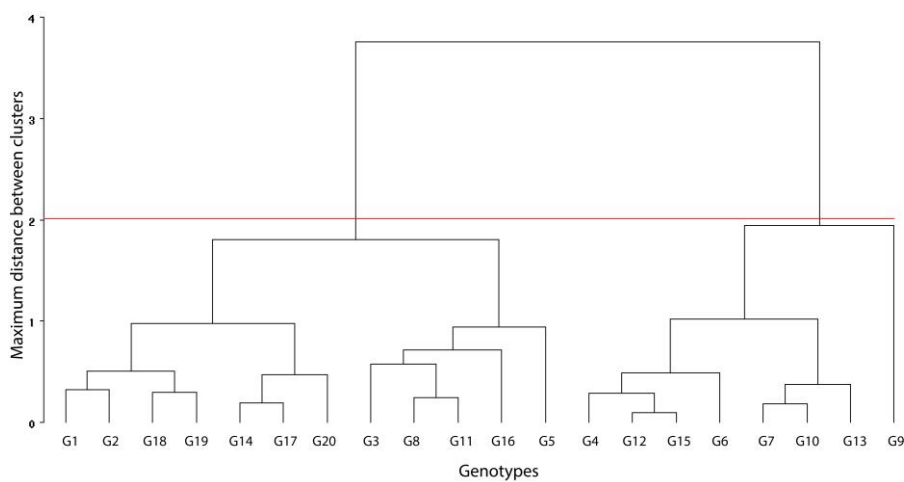
Step	Jointed clusters	No. environment	Distance
9	Dez1 Kho2	2	0.278
8	Kho1 Kar2	2	0.492
7	Der1 Dez2	2	0.573
6	Kar1 Dar1	2	0.645
5	Dar1 CL8	3	0.816
4	CL9 Ker2	3	1.112
3	CL5 CL6	5	2.106
2	CL4 CL7	5	2.518
1	CL3 CL2	10	2.818

Environmental codes Dar, Ker, Dez, Kho and Kar represent the stations of Darab, Kermanshah, Dezful, Khoramabad and Karaj, respectively. The number 1 and 2 in the environmental codes are the first year (2020-2021) and the second year (2021-2022), respectively.

نجفی میرک و همکاران: تجزیه پایداری عملکرد گندم دوروم با...



**Figure 5. Classification of environments based on SHMM model**  
 Environmental codes Dar, Ker, Dez, Kho and Kar represent the stations of Darab, Kermanshah, Dezfoul, Khoramabad and Karaj, respectively. The number 1 and 2 in the environmental codes are the first year (2020-2021) and the second year (2021-2022), respectively.



**Figure 6. Classification of genotypes based on SHMM model**

**Table 4. The average morphological traits studied in different regions in the cropping years 2020-2022**

Genotypes	Days to spike emergence						Days to maturity						Plant height (cm)						Thousand grain weight (g)					
	Dar	Dez	Kar	Ker	Kho	Mean	Dar	Dez	Kar	Ker	Kho	Mean	Dar	Dez	Kar	Ker	Kho	Mean	Dar	Dez	Kar	Ker	Kho	Mean
G1	107	100	174	175	143	140	146	147	219	212	182	181	101	94	80	87	76	87	52	42	45	32	44	43
G2	108	99	175	175	145	140	147	147	218	213	182	181	98	94	87	91	78	89	52	43	51	31	39	43
G3	106	102	167	172	143	138	143	146	214	212	184	180	100	96	77	91	72	87	46	44	50	32	39	42
G4	105	94	172	174	144	138	144	146	217	212	183	180	91	94	80	94	80	88	57	47	56	36	46	48
G5	106	96	169	174	142	137	144	143	218	213	183	180	92	99	80	86	77	87	49	44	43	34	38	42
G6	105	96	172	174	141	138	143	144	216	211	181	179	93	91	82	92	74	86	56	49	55	36	44	48
G7	107	97	173	175	143	139	146	145	217	212	185	181	91	93	78	92	74	86	49	45	51	33	42	44
G8	105	96	171	174	143	138	146	144	218	213	184	181	89	96	77	85	74	84	51	43	43	34	38	42
G9	108	98	174	175	144	140	148	147	219	213	185	182	93	95	77	86	76	85	50	41	48	30	38	41
G10	107	95	168	175	141	137	146	145	217	213	183	181	92	92	77	89	79	85	58	46	56	33	46	48
G11	105	95	175	174	142	138	144	143	217	212	183	180	93	89	80	90	77	86	52	39	46	30	38	41
G12	106	98	174	174	144	139	143	145	218	211	185	180	92	90	78	93	79	86	50	42	54	34	44	45
G13	105	97	171	174	146	139	145	146	219	212	184	181	91	89	78	82	83	85	55	46	51	33	40	45
G14	110	107	170	177	149	142	149	148	216	212	188	183	92	93	78	90	84	87	48	44	49	32	42	43
G15	108	99	171	176	144	140	146	147	217	213	187	182	91	86	82	87	79	85	51	43	48	33	40	43
G16	107	97	175	175	145	140	146	147	219	213	190	183	92	93	87	91	83	89	50	46	27	32	41	39
G17	107	94	168	174	143	137	147	144	217	210	187	181	94	87	75	88	78	84	48	40	47	29	37	40
G18	105	95	167	174	141	136	146	147	218	213	185	181	90	88	75	83	75	82	51	41	50	31	44	43
G19	110	105	176	176	145	142	149	149	220	213	190	184	93	95	88	88	75	88	45	40	46	29	43	41
G20	105	98	174	174	146	139	144	149	218	211	188	182	92	92	83	89	77	87	61	51	61	36	53	52
Mean	107	98	172	174	143	139	145	146	218	212	185	181	93	92	80	89	77	86	52	44	49	32	41	44

Environmental codes Dar, Ker, Dez, Kho and Kar represent the stations of Darab, Kermanshah, Dezful, Khoramabad and Karaj, respectively.

### نتیجه گیری

تمام محیط‌های مورد بررسی کشت گندم دوروم به دو گروه محیطی گروه‌بندی شدند. گروه اول شامل داراب (Dar1 و Dar2) و کرج (Kar1 و Kar2) و محیط Kho1 بود. در گروه دوم کرمانشاه (Ker2 و Ker1)، دزفول (Dez1 و Dez2) و محیط Kho2 قرار گرفتند. نتایج نشان داد دسته‌بندی محیط‌ها بر اساس مدل SHMM کاملاً با مدل GGE بای پلات انطباق داشت. همچنین، نتایج نشان داد که محیط‌های Dar2 و Ker1 نسبت به سایر محیط‌ها از قابلیت تمایز بالایی برخوردار بودند و از طرفی دزفول در سال اول و دوم (Dez1 و Dez2)، Kar2 و Ker2 قابلیت تمایز پایینی برای ژنوتیپ‌ها از خود نشان دادند. در نهایت نتایج GGE بای پلات نشان داد که ژنوتیپ‌های ۱۸ (DW-99-18) و ۱۰ (Dw-99-10) جزء بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر عملکرد

دانه بالا و پایداری عملکرد هستند. این لاین‌ها در آزمایشات تحقیقی- ترویجی در شرایط زارعین مورد بررسی بیشتر قرار گرفته و هر کدام از آنها که در مزارع زارعین نیز برتری خود را نشان دهد به عنوان رقم جدید برای اقلیم‌های گرم و معتدل کشور معرفی خواهند شد.

### سپاس‌گزاری

پژوهش حاضر حاصل نتایج پروژه مصوب موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر به شماره ۹۹۱۱۰۹-۱۳۰-۰۳-۰۳ می‌باشد. نویسندگان مقاله از موسسه مزبور به دلیل حمایت‌های مالی و معنوی در اجرای پروژه فوق و همچنین همکاران ایستگاه‌ها و مراکز تحقیقاتی که در اجرای این پروژه ما را یاری نموده‌اند کمال تشکر و قدردانی می‌شود.

### References

- Ahmadi, A., Omid, M., Alizadeh, B., & Shah nejat Bushehri, A.A. (2021). Evaluation of adaptation and sustainability of winter oilseed rape mutant lines in cold and mild cold regions of Iran by GGE biplot method. *Plant Productions*, 44(3), 345-355.
- Amelework, A.B., Bairu, M.W., Marx, R., Laing, M., & Venter, S.L. (2023). Genotype  $\times$  environment interaction and stability analysis of selected cassava cultivars in South Africa. *Plants*, 12, 2490.
- Anderson, T., & Lee, C. R. (2014). Strong selection genome-wide enhances fitness trade-offs across environments and episodes of selection. *Evolution*, 68, 16-31.
- Barati, A., Zali, H., Lakzadeh, I., Koohkan, Sh., Jafarby, J., Hosseinpour, A., Jabari, M., Marzoghiyan, A., & Kheirgo, M. (2020). Evaluation of yield stability of barley promising lines using AMMI SHMM methods. *Cereal Research*, 10(3), 245-257. [In Persian]
- Baye, T. M., Abebe, T., & Wilke, R.A. (2011). Genotype-environment interactions and their translational implications. *Per Med*, 8(1), 59-70.
- Crossa, J., Cornelius, P., Seyedsadr, M., & 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., & Cornelius, P. L. (1993). Recent developments in multiplicative models for cultivar trials. In International Crop Science I, Buxton DR, Shibles R, Forfberg RA, Blad BL, Asay KH, Paulsen GM, Wilson RF (Eds.), pages 571-577. Crop Science Society of America, Madison, Wisconsin.
- Cornelius, P. L., Seyedsadr, M., & Crossa, J. (1992). Using the shifted multiplicative model to search for "reparability" in crop cultivar trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 84, 161-172.
- Dastfal, M., Aghaee-Sarbarzeh, M., & Zali, H. (2022). Genetic diversity and selection of durum wheat pure lines with desirable agronomy traits using SIIG index. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(1), 161-174. [In Persian]



- Esmailzadeh Moghaddam, M., Tahmasebi, S., Ayeneh, G.A.L.A., Akbari Moghadam, H., Mahmoudi, K., Sayyahfar, M., Tabib Ghaffari, S.M. & Zali, H. (2018). Yield stability evaluation of bread wheat promising lines using multivariate methods. *Cereal Research*, 8(3), 333-344. [In Persian]
- Gauch, H.G. (2006). Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Science*, 46, 1488-1500.
- Gauch, H.G. (2013). A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. *Crop Science*, 53, 1860-1869.
- Gonzalez-Segura, E., Magaña-Barajas, E., Torres-Chávez, P.I., Manthey, F., & Ramírez-Wong, B. (2014). Characterization of the dynamic viscoelastic behavior of semolina dough obtained from mexican durum wheat cultivars. *Advanced Chemical Engineering*, 3, 58-63.
- Hernandez-Segundo, E., Capettini, F., Trethowan, R., Ginkel, M., Mejia, A., Carballo, A., Crossa, J., Vargas, M., & Balbuena-Melgarejo, A. (2009). Mega-environment identification for barley based on twenty-seven years of global grain yield data. *Crop Science*, 49, 1705-1718.
- Hossain, M.A., Sarker, U., Azam, M.G., Kobir, M.S., Roychowdhury, R., Ercisli, S., Ali, D., Oba, S., & Golokhvast, K.S. (2023) Integrating BLUP, AMMI, and GGE models to explore GE interactions for adaptability and stability of winter lentils (*Lens culinaris Medik.*). *Plants*, 12, 2079.
- International Grains Council. (2021). IGC, International Grains Council. Accessed on 15 January 2023. Available online: <https://www.igc.int/en/default.aspx>.
- Karimizadeh, R., & Mohammadi, M. (2015). Using SHHM model for clustering test environments of lentil in multi-environmental trials. *Current Opinion in Agriculture*, 4(1), 33-37.
- Karimizadeh, R., Pezeshkpour, P., Barzali, M., Mehraban, A., & Sharifi, P. (2020). Evaluation the mean performance and stability of lentil genotypes by combining features of AMMI and BLUP techniques. *Journal of Crop Breeding*, 12 (36), 160-170. (In Persian)
- Linus, R.A., Olanrewaju, O.S., Oyatomi, O., Idehen, E.O., & Abberton, M. (2023) Assessment of yield stability of bambara groundnut (*Vigna subterranea* (L.) Verdc.) using genotype and genotype-environment interaction biplot analysis. *Agronomy*, 13, 2558.
- Mohammadi, R., Armion, M., Sadeghzadeh, B., Golkari, S., Khalilzadeh, Gh., Ahmadi, H., Abedi-Asl, Gh., & 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].
- Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M., & Zali, H. (2018). 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
- Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Sasani, Sh., Sayyahfar, M., Farzadi, H., Naghipour, F., & Zali, H. (2023). Selection of promising durum wheat lines based on grain yield and yield stability using graphic methods and quality indexes. *Crop Production Journal*, 16 (3), 91-108.
- Olivoto, T. & Nardino, M. (2020). MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. *Bioinformatics*, 1-22.
- Pour-Aboughadareh, A., Koohkan, S., Zali, H., Marzooghian, A., Gholipour, A., Kheirgo, M., Barati, A., Bocianowski, J., & Askari-Kelestani, A. (2023). Identification of high-yielding genotypes of barley in the warm regions of Iran. *Plants*, 12, 3837.
- Rodrigues, P.C., Malosetti, M., Gauch, H.G., & van Eeuwijk, F.A. (2014). A Weighted AMMI Algorithm to Study Genotype-by-Environment Interaction and QTL-by-Environment Interaction. *Crop Science*, 54, 1555-1570.
- Yan, W., & Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42, 11-20.
- Seyedsadr, M., & Cornelius, P. L. (1992). Shifted multiplicative model for nonadditive two-way tables. *Communications in Statistics - Simulation and Computation*, 21: 807-822.
- Taleghani, D., Rajabi, A., Saremirad, A., & Khodadadi, Sh. (2023). Genotype-environment interaction analysis and selection of sugar beet stable genotypes in terms of white sugar yield using AMMI model. *Plant Productions*, 46(2), 155-169.

- Threthowan, R. M., Ginkel, M. V., Ammar, K., Crossa, J., Payne, T. S., Cukadar, B., Rajaram, S., & Hernandez, E. (2003). Associations among twenty years of international bread wheat yield evaluation environments. *Crop Science*, 43, 1698-1711.
- Yan, W. (2001). GGEbiplot-A widows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93, 1111-1118.
- Yan, W., Hunt, L.A., Sheny, Q., & Szlavnics, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, 40, 597- 605.
- Yan, W., & Kang, M. S. (2003). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, Geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Yan, W., & Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42, 11-20.
- Yan, W., & Tinker, N.A. (2005). An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting and exploring genotype  $\times$  environment interaction. *Crop Science*, 45, 1004-1016.
- Zali, H., Barati, A., & Jabari, M. (2021). Evaluation of variation at barley inbred lines (*Hordeum vulgare* L.) using SIIG Index. *Journal of Crop breeding*, 13 (39), 179-194.