

Original Article

Evaluation of genotype tillage interaction, yield and stability of chickpea genotypes by combining the features of AMMI and BLUP methods

Payam Pezeshkpour ^{*1}, Reza Amiri ², Mohammad Jafari³, Ali Minapour⁴, Sayed Farshad Babaie Mohammadi⁵, Roshanak Ghorbani⁶

1. Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran.
- * Corresponding author E-mail: Papezeshkpour@yahoo.com
2. Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran
3. Researcher, Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran
4. MSc. Agricultural Jihad Management of Kuhdasht, Lorestan, Iran
5. MSc. Agricultural Jihad Management of Delfan, Lorestan, Iran
6. Assistant Professor, Plant Protection Research Department, Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran

Extended Abstract

Introduction:

Nowadays, conservation agriculture in dryland areas has gained great importance due to its potential to minimize climate hazards, reduce soil erosion, improve soil quality and increase available moisture. Few studies have been reported on genotype $\times$ tillage interaction for chickpea yield in dryland areas. The aim of this study was to evaluate the efficiency of the models used in stability analysis, including different AMMI indices, a combination of the two AMMI and BLUP methods, WAASB and WAASBY indices, and also to draw different diagrams to better understand the interaction of genotype $\times$ tillage (environment) and identify high-yielding chickpea genotypes adapted to the climatic conditions of rainfed regions in different tillage systems.

Materials and methods:

Sixteen chickpea genotypes were evaluated under three tillage systems including conventional tillage with complete residue removal (CT), reduced tillage (ploughing with a chisel plough into the remaining vegetation cover at a depth of 10 to 15 cm of soil - RT), and no-till with vegetation remaining on the soil surface (CA) in farmer's fields in Delfan county, Lorestan province, during two cropping years (2019-2020). Statistical analyses were performed to determine the stability of genotypes in different tillage systems using the Metan and GGE multi-environmental experiment analysis packages in R software. AMMI statistical parameters as well as AMMI statistical-based parameters including ASV, SIPC, EV, ZA, SSI, WAASB, and WAASBY were used on the genotype $\times$ environment (tillage) interaction matrix obtained from the best linear unbiased prediction (BLUP).

Results and discussion:

The results of the likelihood ratio test showed that the effect of genotype and genotype $\times$ tillage interaction was significant on grain yield. Therefore, the unbiased best linear prediction (BLUP) analysis was considered appropriate for these data. Based on the AMMI Stability Value Index (ASV), genotypes 10, 4, 9, 14 and 12 had more stable yield. The simultaneous selection index (SSIASV) based on ASV identified genotypes 9, 4, 13, 10 and 6 as superior genotypes in terms of grain yield and yield stability. The AMMI2 biplot diagram based on the first two principal components identified genotypes 11, 2 and 6 as genotypes with yield stability. Considering that not all principal components contribute to the AMMI2 biplot calculation and only the first-two principal components are used, accounting for 18.47 and 25.26 percent of the genotype $\times$ tillage (environment) interaction, the WAASBY genotypic stability index was used, which allows simultaneous interpretation based on average yield and yield stability in a two-dimensional graph. Based on the WAASBY index based on BLUP analysis, genotypes 4, 5, 6, 8, 9, 11, and 15 were identified as high-yielding with stable yield. The results of the mosaic plot showed that the contribution of genotype and genotype $\times$ tillage (environment) interaction was 38.5 and 62.94 percent of the total variation, respectively.

Conclusion:

Overall, it seems that using the WAASBY chart with variable weighting from 0 to 100 for the WAASB index and average grain yield can lead to more reliable results from stability analysis using analyses such as factor analysis, BLUP, and AMMI in identifying selected genotypes. Considering that the mixed model and all components were used in calculating the WAASBY index, it seems that this index is superior to other indices.

Keywords: Single value decomposition, simultaneous selection, heatmap, mosaic chart

مقاله پژوهشی

ارزیابی برهمکنش ژنوتیپ در خاک‌ورزی، عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌های نخود با ترکیب ویژگی‌های

روش‌های AMMI و BLUP

پیام پزشکپور^{۱*}، رضا امیری^۲، محمد جعفری^۳، علی میناپور^۴، سیدفرشاد بابایی محمدی^۵، روشنگر قربانی^۶

۱- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان،

سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران. (نویسنده مسئول)

۲- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان،

سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران

۳- محقق، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان

تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران

۴- کارشناس ارشد، مدیریت جهاد کشاورزی شهرستان کوهدشت، لرستان، ایران

۵- کارشناس ارشد، مدیریت جهاد کشاورزی شهرستان دلفان، لرستان، ایران

۶- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات گیاهپزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان

تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران

سابقه و هدف:

امروزه کشاورزی حفاظتی در مناطق دیم به دلیل پتانسیل آن برای به حداقل رساندن خطرات اقلیمی، کاهش فرسایش خاک، بهبود کیفیت خاک و رطوبت بیشتر قابل دسترس، اهمیت زیادی پیدا کرده است. مطالعات کمی در مورد برهمکنش خاک‌ورزی × ژنوتیپ برای عملکرد نخود در زمین‌های دیم گزارش شده است. هدف از این پژوهش، ارزیابی کارایی مدل‌های استفاده شده در تجزیه پایداری شامل شاخص‌های مختلف AMMI، ترکیب دو روش AMMI و BLUP، شاخص‌های WAASB و WAASBY و همچنین ترسیم نمودارهای مختلف برای درک بهتر اثر متقابل ژنوتیپ در خاک‌ورزی (محیط) و شناسایی ژنوتیپ‌های پر محصول نخود سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق دیم در سیستم‌های مختلف خاک‌ورزی بود.

مواد و روش‌ها:

شانزده ژنوتیپ نخود تحت سه سیستم خاک‌ورزی شامل خاک‌ورزی معمولی با حذف کامل بقایا (Conventional Tillage)، کم‌خاک‌ورزی (شخم با گاوآهن قلمی داخل باقیمانده پوشش گیاهی در عمق ۱۰ تا ۱۵ سانتی متری خاک - Reduced Tillage) و بدون خاک‌ورزی با باقی ماندن پوشش گیاهی در سطح خاک (Conservation Agriculture) در مزارع کشاورز (پایگاه نوآوری) در شهرستان دلفان در استان لرستان، طی دو سال زراعی (۱۳۹۸-۱۴۰۰) مورد ارزیابی قرار گرفتند. تجزیه‌های آماری برای تعیین پایداری ژنوتیپ‌ها در سیستم‌های مختلف خاک‌ورزی، با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چندمحیطی Metan و GGE در نرم‌افزار R انجام شد. از پارامترهای تجزیه AMMI و همچنین پارامترهای مبتنی بر تجزیه AMMI که شامل ASV، SIPC، EV، WAASB، SSI، ZA و WAASBY بودند، روی ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط (خاک‌ورزی) حاصل از بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) استفاده شد.

نتایج و بحث:

نتایج آزمون نسبت درست‌نمایی نشان داد که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در خاک‌ورزی بر عملکرد دانه معنی‌دار بود. بنابراین، تجزیه بهترین پیش‌بینی خطی ناریب برای این داده‌ها مناسب تشخیص داده شد. بر اساس شاخص ارزش پایداری امی (ASV)، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۴، ۹، ۱۴ و ۱۲ دارای عملکرد پایداری بودند. شاخص انتخاب همزمان (SSIASV) بر اساس ASV، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۶ را از نظر عملکرد دانه و پایداری عملکرد، به عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی کرد. نمودار بای‌پلات AMMI2 بر مبنای دو مؤلفه اصلی اول، ژنوتیپ‌های ۱۱، ۲ و ۶ را به عنوان ژنوتیپ‌های دارای پایداری عملکرد شناسایی کرد. با توجه به اینکه در محاسبه بای‌پلات AMMI2، تمام مؤلفه‌های اصلی سهم نیستند و فقط مؤلفه‌های اصلی اول و دوم با توجه ۴۷/۱۸ و ۲۶/۲۵ درصد از برهمکنش ژنوتیپ در محیط به کار گرفته شده‌اند، از شاخص پایداری ژنوتیپی WAASBY استفاده شد که امکان تفسیر همزمان بر پایه میانگین عملکرد و پایداری عملکرد را در یک نمودار دو بعدی فراهم می‌آورد. بر اساس شاخص WAASBY مبتنی بر تجزیه BLUP، ژنوتیپ‌های ۴، ۵، ۶، ۸، ۹، ۱۱ و ۱۵ پر محصول با عملکرد پایدار شناخته شدند. نتایج نمودار موزائیکی نشان داد که سهم ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط (خاک‌ورزی) به ترتیب ۵/۳۸ و ۹۴/۶۲ درصد از تنوع کل بود.

نتیجه‌گیری:

در مجموع به نظر می‌رسد که استفاده از نمودار WAASBY با وزن‌دهی متغیر از صفر تا صد برای شاخص WAASB و میانگین عملکرد دانه می‌تواند به نتایج مطمئن‌تری از تجزیه پایداری با بهره‌گیری از تجزیه‌هایی مانند تجزیه عاملی، BLUP و AMMI در شناسایی ژنوتیپ‌های برگزیده بینجامد. با توجه به اینکه از مدل مختلط و همچنین تمام مؤلفه‌ها در محاسبه شاخص WAASBY استفاده شد، به نظر می‌رسد که این شاخص برتر از سایر شاخص‌ها باشد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه مقادیر منفرد، گزینش همزمان، نمودار گرمایی، نمودار موزائیکی

مقدمه

تغذیه جمعیت رو به رشد جهان و حفاظت از محیط زیست از چالش‌های کشاورزی امروزی است (Dey *et al.*, 2022). در میان شیوه‌های مختلف مدیریت کشاورزی، خاک‌ورزی اثرات قابل توجهی بر بوم‌نظام‌های کشاورزی، تولید محصول و محیط می‌گذارد (Hassan *et al.*, 2022). عملکرد محصولات زراعی طی صد سال گذشته در کشورهایی مانند استرالیا، برزیل، ایالات متحده و غیره، بخاطر استفاده کشاورزان از ارقام اصلاح شده و فن‌آوری‌های مدیریت بهتر محصول (مانند کشت بدون شخم) و کشت در اوایل فصل زراعی با حداقل تخریب خاک و نگهداری بقایای گیاهی در حد مناسب، به طور پیوسته افزایش یافته است (Sedri *et al.*, 2021). در دهه‌های اخیر، کشاورزی حفاظتی با هدف تولید پایدار محصولات کشاورزی مورد توجه بسیاری قرار گرفته است. مطالعات متعددی در مورد مقایسه کاشت بدون شخم با خاک‌ورزی معمولی انجام شده است.

طی دو دهه گذشته ۵۰ رقم غلات (۳۰ رقم گندم نان، ۷ رقم گندم دوروم و ۱۳ رقم جو) و ۲۵ رقم حبوبات (۲۰ رقم نخود و ۵ رقم عدس) توسط مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور برای شرایط مختلف آب و هوایی ایران معرفی شده است که همگی برای نظام خاک‌ورزی مرسوم توصیه شده‌اند. اما امروزه نظام‌های کشاورزی مبتنی بر تولید محصول بدون خاک‌ورزی، در هر دو محیط آبی و دیم رایج شده است. با این حال، تحقیقات محدودی در مزارع کشاورزان برای انتخاب ژنوتیپ‌های سازگار با نظام‌های بدون خاک‌ورزی انجام شده است (Herrera *et al.*, 2013). کشاورزی حفاظتی به دلیل کاهش هزینه‌های تولید در مقایسه با کشت مرسوم، به طور فزاینده‌ای مورد پذیرش کشاورزان قرار گرفته است (Devita *et al.*, 2007; Jat *et al.*, 2020). این رویکرد مدیریت محصول با کمک کشاورزی حفاظتی، به‌طور گسترده در سراسر جهان به عنوان یک رویکرد مؤثر برای کاهش اثرات منفی فرسایش خاک، آلودگی محیط زیست و انتشار گازهای گلخانه‌ای پذیرفته شده است (Cavalieri *et al.*, 2009).

اگرچه همچنان فناوری مدیریت زراعی مبتنی بر کشاورزی حفاظتی در اکثر مناطق دیم ایران رایج نیست، اما اخیراً به دلیل برخی از مزایای آن (هزینه تولید پایین، بهبود خواص فیزیکی، شیمیایی و بیولوژیکی خاک و کاهش رواناب و فرسایش خاک)، توسط نهادهای ذیربط ترویج شده و کشاورزان متمایل به پذیرش آن شده‌اند. با این حال، اطلاعات کمی در مورد واکنش ارقام گیاهی از جمله نخود، تحت نظام‌های مختلف خاک‌ورزی وجود دارد. برای بهره‌مندی کامل از

مزایای کشت حفاظتی، معرفی ارقام زراعی مناسب برای شرایط حفاظتی بسیار مهم است (Herrera *et al.*, 2013). همه این یافته‌ها روشن می‌کند که پاسخ عملکرد به شیوه‌های خاک‌ورزی برای ارقام مختلف زراعی متفاوت است. عوامل ژنتیکی، محیطی و مدیریتی نقش مهمی در عملکرد محصول در شرایط حفاظتی دارند. مطالعات چندانی در مورد برهمکنش خاک‌ورزی × ژنوتیپ برای عملکرد نخود در زمین‌های دیم انجام نشده است.

نخود (*Cicer arietinum* L.) یکی از حبوبات سرمدوست است که به طور سنتی نقش مهمی در رژیم غذایی کشورهای مدیترانه‌ای و آسیایی دارد و به طور فزاینده‌ای مورد استفاده قرار می‌گیرد. نخود سومین گیاه مهم از گروه حبوبات در جهان و مهم‌ترین آن‌ها در ایران است. این گیاه زراعی، اگرچه معمولاً به صورت دیم در اوایل بهار بخاطر کاهش خسارت سرما، بیماری برق‌زدگی و خسارت کرم پيله‌خوار کاشته می‌شود (Singh *et al.*, 2022; Mazid *et al.*, 2013)، اما امکان کاشت آن در پاییز بخاطر مزیت‌های افزایش عملکرد و پایداری محصول، بهره‌مندی از بارندگی‌های زمستانی و به حداقل رساندن اثرات گرما و تنش خشکی انتهای فصل بهار، فراهم است (Singh *et al.*, 1997).

در تجزیه و تحلیل داده‌های مزرعه‌ای حاصل از آزمایش‌ها، محیط می‌تواند به عنوان هرگونه عملیات مدیریتی مانند تاریخ کاشت، تراکم کاشت، کاربرد کود، نظام‌های خاک‌ورزی و ... که جهت تولید کنندگان توصیه می‌شود، تعریف گردد (Balalic *et al.*, 2012). عملکرد ژنوتیپ‌های نخود تا حد زیادی به محیط بستگی دارد. به‌طور کلی ژنوتیپ، محیط (سال × خاک‌ورزی) و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، عملکرد یک رقم را تعیین می‌کنند (Farshadfar, 2008). شناخت اثر متقابل بین ژنوتیپ با محیط‌های گوناگون، یکی از مطالعات مهم در اصلاح نباتات و بررسی‌های به‌نژادی است. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از چندین روش اندازه‌گیری می‌شود که اساس همه آن‌ها ارزیابی ژنوتیپ‌ها در چند محیط است. آزمایش‌های چندمحیطی گیاهان زراعی، نقش مهمی در ارزیابی ژنوتیپ‌ها در بسیاری از مراحل برنامه‌های اصلاح و معرفی ارقام جدید دارند. متداول‌ترین روش تجزیه آزمایش‌های چند محیطی مبتنی بر فرض یکنواختی واریانس خطا در همه محیط‌های مورد آزمایش است، اما اغلب این موضوع در عمل اتفاق نمی‌افتد و می‌تواند صحت ارزیابی ژنوتیپ‌ها را محدود نماید. پر واضح است که در چنین آزمایش‌هایی، به علت اختلاف عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها، واریانس اثر متقابل ژنوتیپ × محیط تغییر کرده و واریانس باقیمانده در محیط‌ها به علت تفاوت در شرایط طبیعی (خاک، آب و هوا) و همچنین عملیات اجرایی در محیط‌های مختلف تغییر می‌کند (Hussein *et al.*, 2000).

بررسی برهمکنش ژنوتیپ در محیط و تجزیه پایداری را می‌توان با تعدادی از روش‌های تجزیه‌ای مانند اثر اصلی افزایشی و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI) و GGE Biplot¹ بررسی نمود (Yan *et al.*, 2000). مدل‌سازی الگوهای

¹- Genotype + Genotype × Environment

برهمکنش ژنوتیپ در محیط با تجزیه AMMI در نخود به وسیله پژوهشگران زیادی انجام شده است (Mohammed *et al.*, 2018; Erdemci *et al.*, 2017; Funga *et al.*, 2021; Pezeshkpour *et al.*, 2022). مدل AMMI¹ جدا از مزیت‌هایی که دارد، دارای کاستی‌هایی مانند حساسیت به حضور داده‌های پرت (Rodrigues *et al.*, 2016) و عدم وجود موارد موفقیت‌آمیز تحلیل مدل خطی اثرات مختلط (LMM²) است. علاوه بر این، روش بهترین پیش‌بینی‌های خطی نارایب (BLUP) نیز برای ارزیابی داده‌های آزمایش‌های چند محیطی پیشنهاد شده است که میانگین اثرات تصادفی را با دقت بالا، به ویژه در مدل‌های مختلط، همچون اثر مختلط خطی (LMM) تخمین می‌زند (Smith *et al.*, 2005).

اولیوتو و همکاران (Olivoto *et al.*, 2019 a) ویژگی‌های مدل AMMI و بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP) را ادغام کردند و یک پارامتر آماری جدید، WAASB³ (میانگین وزنی نمرات مطلق از تجزیه مقدار منفرد ماتریس بهترین پیش‌بینی‌های خطی نارایب برای اثرات متقابل محیط در ژنوتیپ تولید شده توسط مدل اثر مختلط خطی)، برای انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس ثبات میانگین و پایداری معرفی شد و در حقیقت حاصل تلفیق دو روش AMMI و BLUP است و قادر به وزن‌دهی بین صفت وابسته (عملکرد دانه) و پایداری عملکرد است (Olivoto *et al.*, 2019 a,b). این پارامتر به طور گسترده در مطالعات اثر متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده می‌شود (Karimizadeh *et al.*, 2020; Huang *et al.*, 2021). جنبه‌های دیگری از تلفیق دو روش AMMI و BLUP بهره‌گیری از ابزارهای گرافیکی تجزیه AMMI در شاخص‌های برآورده شده است. به طوری که برای کمک به تفسیر چشمی، گرافیک‌هایی برای نشان دادن میانگین متغیر پاسخ در برابر WAASB ایجاد شدند (Olivoto *et al.*, 2019 a). این ابزارهای گرافیکی که در پدیدآوری آن‌ها از ابزارهای AMMI و بای‌پلات‌های GGE بهره گرفته می‌شوند، برای نشان دادن چشمی جایگاه ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری و میزان عملکرد بسیار کاربردی هستند. شاخص WAASB (میانگین وزنی نمرات مطلق) برای توصیف بهتر ژنوتیپ‌های ایده‌آل و شاخص برتری WAASBY برای انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد و رتبه پایداری پیشنهاد شده است (Yan *et al.*, 2000; Olivoto *et al.*, 2019 a). علاوه بر این شاخص، شاخص دیگری به نام WAASBY نیز معرفی شده است که در آن، هر دو معیار عملکرد و پایداری عملکرد همزمان در نظر گرفته می‌شوند تا علاوه بر کاهش برهمکنش ژنوتیپ در محیط، گزینش‌ها دقیق‌تر و قابل ارزیابی باشند (Olivoto *et al.*, 2019 a). در این شاخص، به‌نژادگر بسته به هدف اصلاحی

¹- Additive Main effect and Multiplicative

²- Linear mixed- effects models

³- Weighted average of absolute scores

خود، وزن‌های متفاوتی به هر کدام از دو معیار میانگین، عملکرد یا پایداری عملکرد داده و ارزیابی ژنوتیپ‌ها را بر اساس آن انجام می‌دهد.

اهداف این مطالعه، (۱) بررسی اثرات نظام‌های مختلف خاک‌ورزی بر عملکرد زراعی ژنوتیپ‌های نخود در مزارع کشاورز در مناطق مرتفع دیم غرب ایران، (۲) ارزیابی برهمکنش ژنوتیپ $\times$ خاک‌ورزی و (۳) ارزیابی کارایی مدل‌های استفاده شده در تجزیه پایداری و بهره‌گیری از شاخص‌های مختلف AMMI و ترکیب دو روش AMMI و BLUP، با شاخص‌های WAASB و WAASBY و همچنین ترسیم نمودارهای مختلف برای درک بهتر اثر متقابل ژنوتیپ $\times$ خاک‌ورزی (محیط) به منظور شناسایی ژنوتیپ‌های پر محصول سازگار با شرایط منطقه در نظام‌های مختلف خاک‌ورزی بود.

مواد و روش‌ها

تعداد ۱۶ ژنوتیپ نخود (جدول ۱) تحت سه نظام خاک‌ورزی شامل (۱) خاک‌ورزی رایج با حذف کامل بقایا (Conventional Tillage = CT)، (۲) کم‌خاک‌ورزی از طریق شخم با گاواهن قلمی و باقیماندن پوشش گیاهی (Reduced Tillage = RT) در عمق ۱۰ تا ۱۵ سانتی‌متری خاک و (۳) نظام خاک‌ورزی حفاظتی (Conservation Agriculture = CA) بدون خاک‌ورزی با باقیماندن پوشش گیاهی در سطح خاک، در مزارع کشاورز (پایگاه نوآوری) در شهرستان دلفان استان لرستان، با ۲۱۸۰ متر از ارتفاع از سطح دریا و با مشخصات جغرافیایی ۴۷/۹۷ درجه شرقی و ۳۴/۰۷۱ درجه شمالی در دو سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹ و ۱۴۰۰-۱۳۹۹ مورد ارزیابی قرار گرفتند. آزمایش‌ها به صورت کرت‌های نواری (بلوک‌های خردشده) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار به اجرا درآمد. دو عامل شامل، نظام خاک‌ورزی (افقی) و ژنوتیپ‌ها (عمودی) بودند.

جدول ۱- نام و کد ژنوتیپ‌های نخود مورد مطالعه

Table 1. Name, origin and code of the chickpea genotypes

کد	نام ژنوتیپ	کد	نام ژنوتیپ	کد	نام ژنوتیپ
Code	Genotype Name	Code	Genotype Name	Code	Genotype Name
G1	AKSU	G7	Guksu	G13	Atta
G2	AZKAN	G8	Uzbakestan4	G14	FLIP09-7C
G3	Saeid	G9	FLIP09-289C	G15	Azad
G4	Nousrat	G10	FLIP84-182C	G16	Uzbakestan3
G5	Adel	G11	FLIP86-6C		
G6	Araz	G12	Uzbakestan1		

در نظام خاک‌ورزی رایج، یک مرحله شخم با گاواهن برگردان‌دار در عمق ۲۰-۲۵ سانتی‌متر و یک مرحله دیسک در عمق ۱۰ سانتی‌متری انجام شد و سپس عملیات کاشت با دستگاه کارنده کشت حفاظتی آسکه ۲۰۰۰ در هر سه نظام

خاک‌ورزی انجام گرفت. در روش کم‌خاک‌ورزی (RT) نیز یک بار شخم با گاو آهن قلمی روی زمین پوشیده از بقایای گندم سال قبل انجام شد. در تیمار بدون خاک‌ورزی، بقایای گندم سال قبل روی سطح خاک نگهداری گردید و هیچ‌گونه عملیات خاک‌ورزی انجام نشد. در نظام‌های بدون خاک‌ورزی و کم‌خاک‌ورزی، حداقل ۳۰ درصد بقایا در سطح خاک وجود داشت، و در روش خاک‌ورزی رایج هیچ‌گونه بقایای کاه و کلش در سطح خاک وجود نداشت.

مساحت کاشت هر کرت آزمایشی ۳۱/۵ مترمربع و تراکم بذر به میزان ۵۰ دانه در متر مربع و با فاصله حدود هفت سانتی‌متر روی هر ردیف، در نظر گرفته شد. نازل‌های بذرکار آسکه ۲۰۰۰ به صورت یک در میان بسته شد و فاصله بین ردیف‌های کاشت حدود ۳۵ سانتی‌متر بود. تعداد شش ردیف کاشت در نظر گرفته شد. زمین آزمایشی در سال قبل در تناوب گندم دیم بود. عملیات کاشت در هر دو سال زراعی در پاییز (آبان ماه) انجام گرفت. میزان ۳۰ کیلوگرم در هکتار کود اوره و ۵۰ کیلوگرم در هکتار کود فسفره (P_2O_5) در زمان کاشت مصرف گردید. در هنگام کشت برای ضدعفونی بذور علیه بیماری‌های قارچی، از سموم سیستمیک کاربوکسین تیرام و کنترل علف‌های هرز با استفاده از کولتیواتور دستی در مرحله پنج برگی (ارتفاع بوته حدوداً هشت سانتی‌متر) استفاده شد. برداشت در اوایل تیرماه انجام گردید. برای تعیین عملکرد دانه از هر تکرار سه نمونه به مساحت دو مترمربع برداشت و هر نمونه جداگانه کوبیده و عملکرد هر نمونه یادداشت و در نهایت عملکرد دانه بر حسب کیلوگرم در هکتار اندازه‌گیری شد.

برای تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه، از نرم‌افزار R، استفاده شد. برای تعیین سطح معنی‌داری، آزمون F اعمال شد. به‌منظور بررسی پایداری و الگوی سازگاری ژنوتیپ‌ها، داده‌ها از تمام محیط‌ها برای نرمال بودن تحت آزمون Shapiro-Wilk قرار گرفتند. برای بررسی یکنواختی واریانس خطای آزمایش‌ها، آزمون بارتلت هر محیط انجام شد، سپس با ثابت در نظر گرفتن اثر ژنوتیپ و تصادفی در نظر گرفتن اثر محیط، تجزیه واریانس مرکب صورت گرفت.

هر محیط ترکیبی از سال و نظام خاک‌ورزی بود. بنابراین، شش محیط ($E1 =$ کشت خاک‌ورزی رایج سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹، $E2 =$ کشت خاک‌ورزی رایج سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹، $E3 =$ کشت بدون خاک‌ورزی سال زراعی ۱۳۹۹-۱۳۹۸، $E4 =$ کشت بدون خاک‌ورزی سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹، $E5 =$ کشت کم‌خاک‌ورزی سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹ و $E6 =$ کشت کم‌خاک‌ورزی سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹) برای تجزیه و تحلیل پایداری ۱۶ ژنوتیپ در نظر گرفته شد. میزان بارندگی سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹، برابر ۶۴۰/۲ میلی‌متر و در سال زراعی ۱۳۹۹-۱۴۰۰، برابر ۳۱۴/۳ میلی‌متر بود. تجزیه‌های آماری برای تعیین پایداری ژنوتیپ‌ها در نظام‌های مختلف بدون خاک‌ورزی، کم‌خاک‌ورزی و خاک‌ورزی رایج، با استفاده از بسته تجزیه آزمایش‌های چند محیطی Metan (Olivoto et al., 2019 a) و GGE (Wright and Laffont, 2018) در نرم‌افزار R انجام شد. از پارامترهای تجزیه AMMI و همچنین پارامترهای مبتنی بر تجزیه AMMI که شامل

ASV، SIPC، EV، ZA، SSI، WAASB و WAASBY بودند، روی ماتریس برهمکنش ژنوتیپ در محیط حاصل از بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) استفاده شد. با استفاده از میانگین وزنی نمرات مطلق حاصل از تجزیه ارزش منفرد ماتریس BLUPs (WAASB)، پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها ارزیابی گردید (Olivoto *et al.*, 2019). در تمام این شاخص‌ها، ژنوتیپ‌های با مقادیر پایین این شاخص‌ها، پایدارترین ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شدند. اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML)^۱ برآورد شدند و برای ارزیابی معنی‌داری اثرهای تصادفی، آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT)^۲ به کار گرفته شد. از کمیت‌های پایداری WAASBi و WAASBYi برای کمی‌سازی پایداری با رابطه‌های ۱ و ۲ بهره گرفته شد.

$$WAASBi = \frac{\sum_{k=1}^p |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k} \quad \text{رابطه [۱]}$$

$$WAASBY_i = \frac{\left\{ W_Y \times \left[\left(\frac{GY_i}{GY_{max}} \right) \times 100 \right] \right\} + \left[W_S \times \left(100 - \frac{WAASBi}{WAASB_{min}} \right) \right]}{W_Y + W_S} \quad \text{رابطه [۲]}$$

که در آن، WAASBi، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ i ام، $IPCA_{ik}$ ، نمره ژنوتیپ i ام در K امین محور مؤلفه اصلی برهمکنش (IPCA)، و EP_k ، مقدار واریانس توجیه شده توسط K امین IPCA است. ژنوتیپ با کمترین مقدار WAASB پایدار در نظر گرفته می‌شود (Olivoto *et al.*, 2019 a). انتخاب همزمان برای میانگین عملکرد دانه و پایداری (MPE)^۳ با شاخص WAASBY انجام شد که در آن به میانگین عملکرد (Y) و شاخص پایداری (WAASB) وزن داده می‌شود و $WAASBY_i$ ، میانگین وزنی WAASB و عملکرد دانه (GY) برای ژنوتیپ i ام، W_Y ، وزن داده شده به متغیر پاسخ (در این مورد، عملکرد دانه)، GY_i ، میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ i ام با توجه به تمام محیط‌ها، GY_{max} ، بالاترین متوسط عملکرد دانه مشاهده شده، W_S ، وزن نسبت داده شده به شاخص پایداری (در این مورد، شاخص WAASB)، $WAASBi$ ، میانگین وزنی نمرات مطلق ژنوتیپ i ام، و $WAASB_{min}$ ، کمترین مقدار WAASB مشاهده شده در بین ژنوتیپ‌ها است.

نتایج و بحث

واریانس برآورد شده به سه جزء واریانس ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ × محیط (سال و خاک‌ورزی) و باقیمانده تفکیک شد. بر اساس اطلاعات جدول ۲، میزان ۴۸/۵۲ درصد از واریانس توسط برهمکنش ژنوتیپ × محیط توجیه می‌شود. حال آنکه اثر ژنوتیپ، تنها توجیه‌کننده ۵/۳۸ درصد از واریانس برآورد شده است. میزان ۴۶/۱۰ درصد واریانس نیز توسط اثر

^۱- Restricted maximum likelihood, REML

^۲- Likelihood Ratio Test, LRT

^۳- Mean performance and stability, MPE

باقیمانده توجیه گردید. اثر باقیمانده عمدتاً به اثر محیط (خاک‌ورزی) مربوط می‌شود که با توجه به تفاوت‌های زیاد بین محیط‌های آزمایشی از نظر ویژگی‌های خاک، مقدار و پراکنش بارندگی، رطوبت قابل دسترس خاک و سایر عوامل قابل توجیه است. نتایج تحقیقات محققان روی سایر گیاهان نیز نشان داده است که بخش عمده واریانس توسط اثر محیط (نظام خاک‌ورزی) توجیه می‌شود (Tekalign *et al.*, 2017; Brankovic-Radojicic *et al.*, 2018; Devkota *et al.*, 2021). تجزیه واریانس جداگانه در هر کدام از محیط‌ها نشان داد که اثر ژنوتیپ در پنج محیط از شش محیط مطالعه شده، معنی‌دار بود (نتایج ارائه نشده است). بنابراین، ژنوتیپ‌ها در محیط‌های آزمایشی دارای تنوع کافی بودند و برای ارزیابی برهمکنش ژنوتیپ در محیط (نظام‌های خاک‌ورزی) نیاز به تجزیه‌های پایداری بود. متوسط عملکرد دانه در ژنوتیپ‌ها با دامنه ۱۱۱۰ (ژنوتیپ ۲) و ۱۵۳۹ (ژنوتیپ ۹) برابر با ۱۳۱۵/۷ کیلوگرم در هکتار بود. در این پژوهش اثر محیط بیشترین سهم را در توجیه مجموع مربعات کل به خود اختصاص داد که این موضوع نشان‌دهنده دامنه وسیع‌تر اثرات اصلی محیط نسبت به اثرات اصلی ژنوتیپ بود. ابتدا تجزیه واریانس ساده (داده‌ها نشان داده نشده است) برای هر محیط انجام و آزمون بارتلت برای بررسی همگن بودن واریانس‌های خطای آزمایش‌ها در هر محیط نیز انجام شد. با انجام آزمون بارتلت روی داده‌های شش محیط، فرض همگنی واریانس خطای آزمایش مورد تأیید قرار گرفت. با مقایسه داده‌های بارندگی و متوسط درجه حرارت در زمان آزمایش و داده‌های دراز مدت، به نظر می‌رسد که بیشترین میزان کاهش عملکرد ناشی از کاهش بارندگی، رطوبت قابل دسترس در خاک و افزایش درجه حرارت و به عبارتی عوامل ناشی از تغییرات تصادفی سال می‌باشد. این نتیجه در برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ × محیط نیز دیده می‌شود. محیط‌های ۳ و ۴ کمترین تغییر عملکرد کلی را طی دو سال داشته‌اند، در حالیکه مقدار این تغییرات در محیط‌های ۱ و ۲ و ۵ و ۶ بیشتر بود. این موضوع می‌تواند ناشی از نوسان‌های بیشتر در وضعیت اقلیمی و رطوبت قابل دسترس در دو سال آزمایش در این منطقه که واجد اقلیم سردسیری است، باشد. پژوهشگران دیگری نیز واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌های نخود را در محیط‌های مختلف گزارش کرده‌اند (Azam, 2021; Dhuria and Babbar, 2021; Sellami *et al.*, 2021; Jorben *et al.*, 2022; Pezeshkpour *et al.*, 2022; Karimizadeh *et al.*, 2000; Devkota *et al.*, 2021; Jan *et al.*, 2012; *et al.*, 2020).

جدول ۲- ارزیابی معنی‌داری فاکتورها در مدل مختلط و برآورد اجزای واریانس با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده در ژنوتیپ‌های نخود

Table 2. Evaluation of significance of factors by LRT (χ^2) and estimation of variance components by REML in durum wheat genotypes

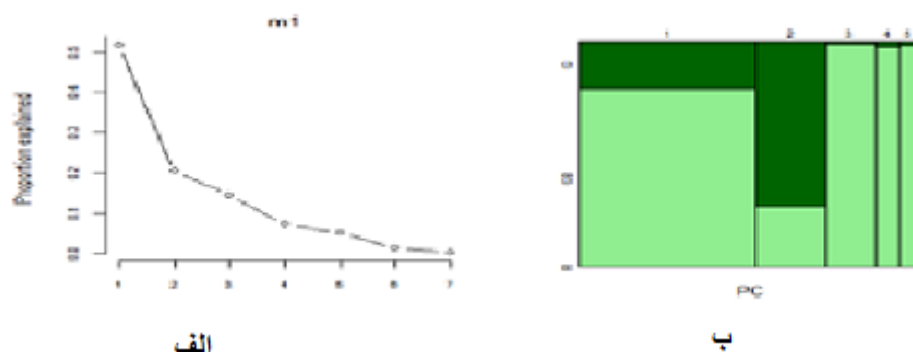
آماره Statistics	آزمون نسبت درست‌نمایی Likelihood ratio test	
	ژنوتیپ در محیط G × E	ژنوتیپ G
کای اسکوئر χ^2	44.832	19.315

مقدار احتمال p- Value	2.147e-11	1.108e-05
اجزای واریانس		
Variance components		
برآوردها (%) Estimates		
پارامترهای برآورد شده به روش درست‌نمایی محدود شده REML		
واریانس ژنوتیپی σ^2_g GEN	4254 (5.382)	
واریانس ژنوتیپ در محیط σ^2_i GEN:ENV	38350 (48.52)	
واریانس باقیمانده σ^2_e Residual	36439 (46.10)	
واریانس فنوتیپی σ^2_p Phenotypic variance	79042	
وراثت‌پذیری عمومی h^2_g Heritability	0.05382	
ضریب تشخیص اثرهای GEI R^2_{gei} GEI2	0.4852	
وراثت‌پذیری میانگین ژنوتیپی h^2_{mg}	0.3109	
دقت انتخاب ژنوتیپ As	0.5576	
همبستگی بین مقادیر ژنوتیپی در میان محیط‌ها rge	0.5128	
ضریب تغییرات ژنوتیپی CVg (%)	4.957	
ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده CVe (%)	14.51	
نرخ ضریب تغییرات ژنوتیپی بر ضریب تغییرات مقادیر باقیمانده CVg/CVe ratio	0.3417	
انحراف معیار Standard deviation	35.42	
خطای استاندارد Standard error	489.57	

پیش از تجزیه پایداری، مجموع مربعات کل (TSS) به دو جزء مجموع مربعات ژنوتیپ (G) و برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GE) با بهره‌گیری از نمودار موزائیکی تفکیک شد (شکل ۱). در این نمودار که به وسیله لافونت و همکاران (Laffont *et al.*, 2007) پیشنهاد شده است، کل مربع نمودار ۱۰۰ درصد مجموع مربعات کل است و نواحی با رنگ تیره تنوع کل ناشی از اثر ژنوتیپی یا اختلاف بین میانگین ژنوتیپ‌ها را نشان می‌دهد که در این تحقیق ۵/۳۸ درصد از تنوع کل است و نواحی با رنگ روشن، تنوع ناشی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط را نشان می‌دهد که ۹۴/۶۲ درصد از تنوع کل را در برمی‌گیرد (شکل ۱-ب). ستون‌های این نمودار وابسته به محورهای مؤلفه اصلی است، به گونه‌ای که ستون اول در برگیرنده ۴۷/۱۸ درصد از کل مساحت مربع است و اولین مؤلفه اصلی از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهد. ستون (مؤلفه اصلی) دوم ۲۶/۲۵ درصد از مجموع مربعات کل را در برمی‌گیرد. این دو مؤلفه اصلی، با یکدیگر ۷۳/۴۳ درصد از مجموع مربعات کل را تشکیل می‌دهند. در هر ستون، ردیف‌های نمودار موزائیکی، آن ستون (یا محور مؤلفه اصلی) را به بخش برآمده از مجموع مربعات ژنوتیپ و بخش برآمده از مجموع مربعات ژنوتیپ در محیط تقسیم می‌کند. با توجه به اینکه سهم ژنوتیپ در نخستین محور مؤلفه اصلی کمتر از اثر ژنوتیپ در محیط است (شکل ۱-الف)، نمی‌توان این محور را محور ژنوتیپ نامید و بر اساس آن تفاوت میانگین ژنوتیپ‌ها را از نظر عملکرد دانه با یکدیگر سنجید. بنابراین توجه به سایر مؤلفه‌ها نیز در بررسی اثر اصلی ژنوتیپ ضروری است. مجموع مربعات محور مؤلفه اصلی دوم، سهم کمتری از اثرهای ژنوتیپ در محیط را نسبت به اثرهای ژنوتیپ دارد. بنابراین می‌توان این ستون را به عنوان محور ژنوتیپ نام

نهاد، هر چند نقش مؤلفه‌های بعدی به ویژه مؤلفه پنجم با سهم ۲۶/۵۷ درصد را نمی توان در این برهمکنش نادیده گرفت و باید از آن برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف بهره گرفت. بنابراین ارزیابی ژنوتیپ‌ها در رابطه با عملکرد و پایداری باید بر اساس مجموعه مؤلفه‌ها باشد. از آزمون اسکریت^۱ برای شناسایی بهترین شمار مؤلفه‌های توجیه کننده برهمکنش ژنوتیپ در محیط استفاده شد. نتایج نشان داد که تا مؤلفه اصلی پنجم، هر کدام از مؤلفه ها سهم قابل توجهی در توجیه برهمکنش ماتریس ژنوتیپ در محیط حاصل از BLUP داشتند (شکل ۱-ب)، به طوری که مؤلفه اصلی اول و دوم به ترتیب ۴۷/۱۸ و ۲۶/۲۵ درصد از تغییرات را توجیه کردند. بنابراین نتایج تجزیه پایداری فقط بر اساس مؤلفه‌های اصلی اول و دوم ممکن است نتایج اشتباهی در پی داشته باشد. با توجه به بهره‌گیری از مدل مختلط LMM (Mixed linear model) در تجزیه داده‌ها، از آزمون نسبت درست‌نمایی (LRT) برای ارزیابی معنی‌داری عوامل آزمایشی استفاده شد. نتایج نشان داد که اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ در محیط بر عملکرد دانه معنی‌دار بود.

برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط نشان داد که بیان فنوتیپی عملکرد دانه یک ژنوتیپ ممکن است در یک محیط بیشتر و در محیطی دیگر کمتر باشد (Thennarsu, 1995). بنابراین برای تجزیه BLUP برای چنین داده‌هایی مناسب است (Olivoto *et al.*, 2019 a) و از این رو، اقدام به برآورد بهترین پیش‌بینی‌های ناریب خطی (BLUP ها) گردید و تجزیه پایداری به روش AMMI روی این BLUP ها انجام شد. ارزیابی نسبت اجزای واریانس برآورد شده به روش درست‌نمایی محدود شده (REML) شامل واریانس ژنوتیپی، برهمکنش ژنوتیپ در محیط و باقیمانده به واریانس فنوتیپی نشان داد که این سه جزء به ترتیب ۵/۳۸ درصد، ۴۸/۵۲ درصد و ۴۶/۱۰ درصد از واریانس فنوتیپی را توجیه کردند (جدول ۲). پژوهشگران دیگری نیز برهمکنش معنی‌دار ژنوتیپ در محیط را بر عملکرد دانه نخود با تجزیه واریانس به روش کمترین مربعات گزارش کرده‌اند (Rubiales *et al.*, 2022; Sellami *et al.*, 2021; Jorben *et al.*, 2022).

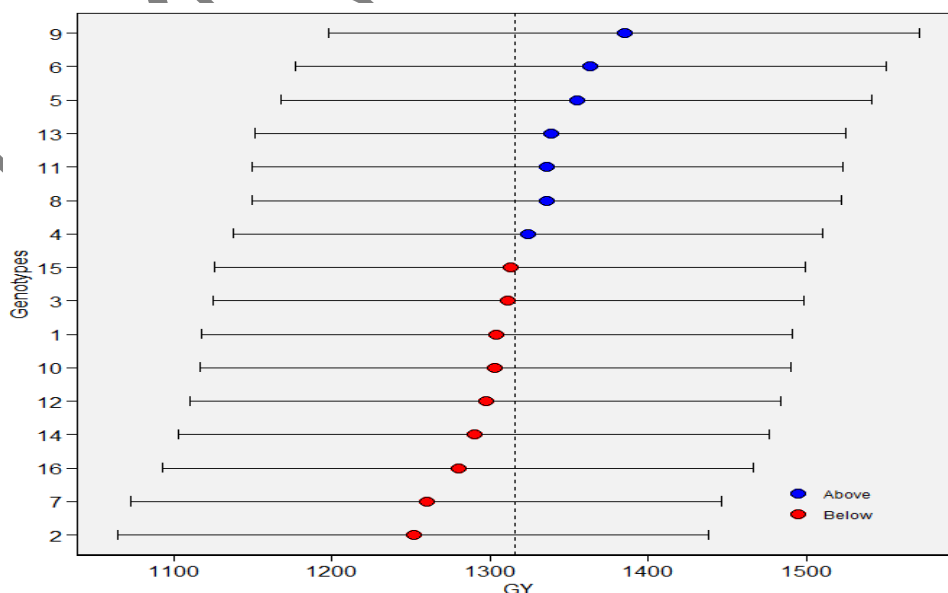


شکل ۱- پیش تجزیه‌های برهمکنش ژنوتیپ در محیط (GEI). الف) نمودار موزائیکی جهت نمایش سهم مؤلفه‌ها از واریانس (G+GE، ب) ریشه مشخصه ماتریس GEI

¹- Sreet test

Fig. 1- Pre-analysis of GEI. a) Mosaic plot for indication of PCs contribution in G+GE; b) Eigenvalues of the BLUP_GEI matrix

با توجه به استوار بودن بسیاری از تلاش‌ها در گام‌های نهایی برنامه‌های به‌نژادی در آزمایش‌های چندمحیطی، دقت پیش‌بینی، برای گزینش درست ژنوتیپ‌ها، توصیه ژنوتیپ‌ها و شناسایی محیط‌های کلان^۱ بسیار مهم است (Olivoto *et al.*, 2019 a). میزان وراثت‌پذیری عمومی برای عملکرد دانه در این تحقیق ۰/۰۵۳ بود. ضریب تبیین برهمکنش ژنوتیپ در محیط و میزان وراثت‌پذیری بر میانگین به ترتیب برابر با ۰/۴۸۵ و ۰/۳۱۱ درصد بود. دقت گزینش ژنوتیپ و همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی در سراسر محیط‌ها نیز به ترتیب ۰/۵۵۷ و ۰/۵۱۲ بود. ضریب تغییرات ژنوتیپی، ضریب تغییرات باقیمانده و همچنین نسبت این دو ضریب تغییرات به ترتیب برابر با ۴/۹۵، ۱۴/۵۱ و ۰/۳۴۱ درصد بود. نسبت برهمکنش ژنوتیپ × محیط بر اثر ژنوتیپی، نه برابر بود. برای افزایش دقت پیش‌بینی، استفاده از مدل‌های آماری با توانایی پیش‌بینی بهتر همچون بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP)، یکی از گزینه‌های پیش روی به‌نژادگران است که تجزیه پایداری به روش AMMI می‌تواند روی این پیش‌بینی‌ها انجام شود (Olivoto *et al.*, 2019 a). در شکل ۲، میانگین‌های پیش‌بینی شده عملکرد دانه با روش BLUP نشان داده شده و که بیانگر آن است که بالاترین عملکرد پیش‌بینی شده با روش BLUP متعلق به ژنوتیپ ۹ و در پی آن، ژنوتیپ‌های ۶، ۵، ۱۳، ۱۱ و ۸ بود که دارای عملکرد پیش‌بینی شده بیشتر از میانگین کل بودند. ژنوتیپ‌های ۹، ۶ و ۵ تفاوت معنی‌داری با ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۱ و ۸ داشتند.



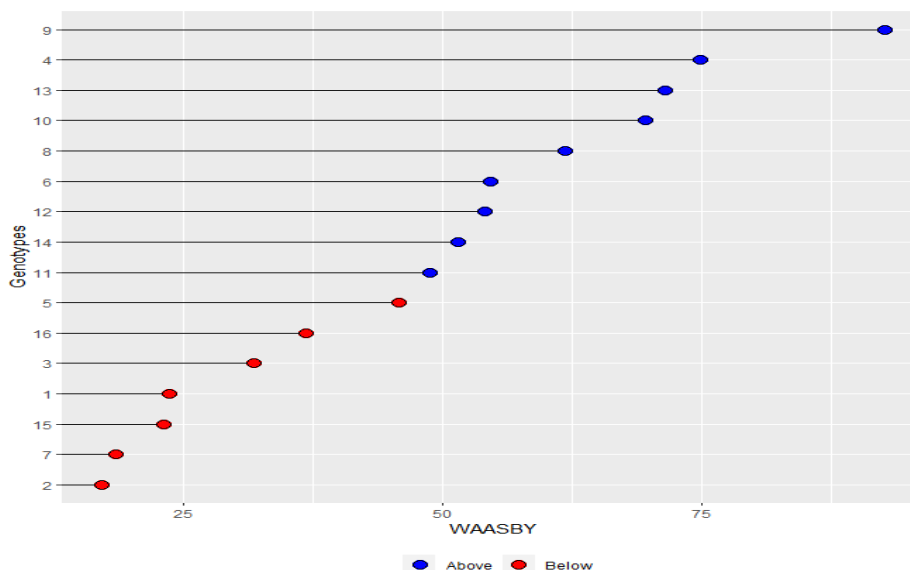
شکل ۲- عملکرد دانه پیش‌بینی شده ژنوتیپ‌های نخود بر پایه بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP)

Fig. 2- Predicted seed yield (BLUP) plot for lentil genotypes

¹- Mega- environment

بر اساس نتایج تجزیه واریانس AMMI، اثر برهمکنش ژنوتیپ در محیط معنی دار بود (نتایج ارائه نشده است). پنج مؤلفه اصلی اول نقش مهمی در توجیه برهمکنش ژنوتیپ در محیط داشتند. این مؤلفه‌های اصلی در مجموع ۱۰۰ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه می‌کردند. اثر معنی دار برهمکنش ژنوتیپ در محیط نشان‌دهنده پیش زمینه گسترده مواد ژنتیکی و تنوع مکان‌های آزمایشی و سال‌های زراعی است. نتایج تحقیقات پیشین نیز اثر ژنتیکی و برهمکنش ژنوتیپ در محیط را برای عملکرد دانه نخود گزارش داده‌اند (Tamang et al., 2022; Danyali et al., 2012; Sellami et al., 2021). وجود برهمکنش ژنوتیپ در محیط، نیاز به تشخیص سازگاری عملکرد ژنوتیپ‌ها را بر اساس ارزیابی در چند مکان و سال نشان می‌دهد. کاهش برهمکنش ژنوتیپ در محیط متضمن گزینش ژنوتیپ‌هایی با بالاترین پایداری عملکرد در طیف گسترده‌ای از محیط‌ها است. تجزیه AMMI و BLUP ابزارهای مهمی برای به دست آوردن درک درستی از عوامل دخیل در پدیدآوری برهمکنش ژنوتیپ در محیط هستند. از این‌رو، نخست پایداری ژنوتیپ‌ها با شاخص‌های مختلف AMMI سنجیده شده و سپس با ابزارهای گرافیکی مختلف و تلفیق روش‌های AMMI و BLUP، ژنوتیپ‌های با پایداری عملکرد شناسایی شدند. از شاخص‌های مختلف AMMI، همچون ASV برای کمی‌سازی و طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها، بر اساس پایداری عملکرد دانه آن‌ها، استفاده شد. بر اساس شاخص پایداری ASV، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۴، ۹، ۱۴ و ۱۲ با نمره‌های پایین، پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. شاخص انتخاب همزمان (SSIASV) بر اساس ASV، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۶ را ژنوتیپ‌های برتر از نظر پایداری و عملکرد دانه شناسایی کرد. بر اساس شاخص SIPC، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۴، ۹، ۱۴ و ۱۳ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. بر اساس شاخص انتخاب همزمان ژنوتیپ‌ها و عملکرد دانه، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۸ به عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی شدند. ژنوتیپ‌های ۱۰، ۴، ۹، ۱۴ و ۱۲ از نظر شاخص EV و ژنوتیپ‌های ۱۰، ۴، ۹، ۱۳ و ۱۴ از نظر شاخص ZA پایدار بودند، حال آنکه انتخاب همزمان این شاخص‌ها و عملکرد دانه برای SSIEV، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۱۱ و برای SSIZA، ژنوتیپ‌های ۹، ۱۳، ۴، ۱۰ و ۸ را برترین ژنوتیپ‌ها شناسایی کرد (جدول ۳). از ASV به عنوان یک شاخص مفید برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار نخود استفاده شده است (Pouresmael et al., 2018; Pezeshkpour et al., 2021; Fikre et al., 2018). آماره‌های SSI که ترکیبی از دو معیار پایداری و عملکرد یک ژنوتیپ در یک شاخص واحد است، مشکلات و محدودیت‌های مربوط به انتخاب ژنوتیپ بر اساس تنها شاخص پایداری را کاهش می‌دهد و استفاده از این شاخص‌ها وابسته به این واقعیت است که پایدارترین ژنوتیپ‌ها، همواره بالاترین عملکرد را ندارند (Farshadfar, 2008). با در نظر گرفتن این موضوع که اگر درصد دو مؤلفه اصلی اول بیش از ۵۰ درصد از کل تغییرات ژنوتیپ در محیط را توجیه کند، بای‌پلات می‌تواند ابزار مناسبی برای ارزیابی

برهمکنش ژنوتیپ در محیط باشد (Crossa, 1990)، اما در این تحقیق با آنکه دو مؤلفه اصلی اول ۷۳/۴۴ درصد از برهمکنش ژنوتیپ در محیط را توجیه کردند، اما دیده می‌شود که گزینش ژنوتیپ‌ها فقط بر پایه این دو مؤلفه و صرف نظر از سایر مؤلفه‌ها و همچنین عملکرد دانه می‌تواند به نتیجه‌گیری نادرستی منجر شود. برای نمونه ژنوتیپ ۱۴ که در هر پنج شاخص AMMI پایدار بود، زمانی که از SSI برای هر یک از شاخص‌ها استفاده شد، به عنوان یکی از ژنوتیپ‌های منتخب شناخته نشد. در مقابل، ژنوتیپ‌های ۶ و ۸ که بر اساس پارامترهای AMMI پایدار نبودند، به عنوان ژنوتیپ برتر با توجه به شاخص‌های SSI آن‌ها شناخته شدند. در این راستا اظهار شده است که زمانی که توجیه الگوی برهمکنش ژنوتیپ در محیط با دو مؤلفه اصلی اول کم تا متوسط باشد، لازم است در تفسیر نتایج احتیاط شود. با افزایش برهمکنش ژنوتیپ در محیط، الگوی برهمکنش ژنوتیپ در محیط در تعداد بیشتری از محورها باقی می‌ماند، به طوری که حتی مؤلفه‌های اصلی آخر نیز سهمی در این برهمکنش‌ها دارند (Olivoto *et al.*, 2019 a). بنابراین در ادامه برای تجزیه پایداری داده‌ها از مدل‌هایی استفاده شد که در آن‌ها تمام مؤلفه‌ها در ارزیابی‌ها نقش داشتند. در بای‌پلات نوع اول AMMI (عملکرد دانه در برابر مؤلفه اصلی اول) که تعدادی از پژوهشگران از آن برای تجزیه پایداری در نخود استفاده کرده‌اند (Karimizadeh *et al.*, 2022; Pezeshkpour *et al.*, 2021) در محور افقی، عملکرد دانه به عنوان نمود یا بیان فنوتیپی یک ژنوتیپ و در محور عمودی، اولین مؤلفه اصلی برای برهمکنش ژنوتیپ در محیط قرار داده می‌شوند و بر پایه مقادیر بزرگی (مثبت یا منفی) و کوچکی (نزدیک به صفر و مبدأ مختصات) اولین مؤلفه اصلی، به ترتیب ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها دارای برهمکنش بالا و یا پایین در نظر گرفته می‌شوند. اما با توجه به نتایج نمودار موزائیکی (شکل ۱-ب) که در نخستین محور مؤلفه اصلی آن، مجموع مربعات ژنوتیپ در محیط سهم بالایی از تنوع کل را داشت، به نظر می‌رسد که ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها با این محور مؤلفه اصلی می‌تواند همراه با چالش باشد و چندان نمی‌توان به نتایج آن اطمینان داشت. در شکل ۳، شناسایی ژنوتیپ‌ها با مقادیر WAASBY انجام شده است که نوعی معیار گزینش همزمان مبتنی بر میانگین عملکرد دانه و شاخص پایداری (WAASB) است و در محاسبه آن وزن‌های متفاوتی به عملکرد دانه و شاخص WAASB داده شده است. در این نمودار از وزن‌دهی برابر ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص عملکرد دانه و شاخص پایداری (WAASB) استفاده شد که بیانگر یکسان نگرستن به پایداری و عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها و اهمیت یکسان هر دو شاخص در گزینش یک ژنوتیپ است. بر اساس وزن‌دهی ۵۰:۵۰ ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰، ۸، ۶، ۱۲، ۱۴ و ۱۱ با داشتن بیشترین مقدار WAASBY ژنوتیپ‌های پایدار و دارای عملکرد دانه بالا بودند.



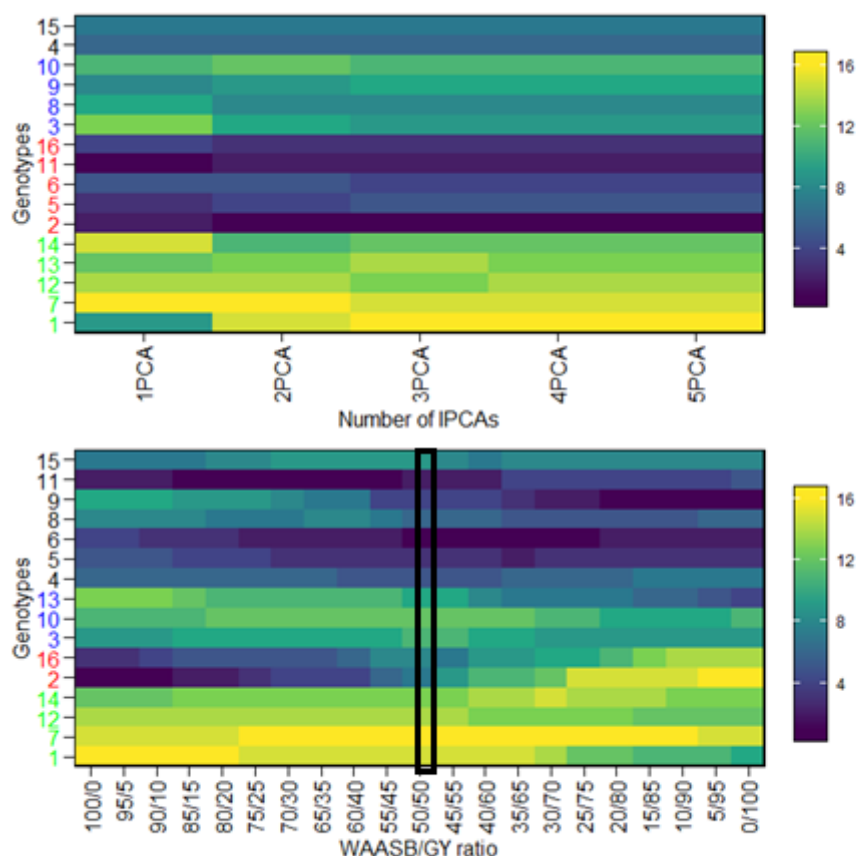
شکل ۳- مقادیر برآورد شده از میانگین وزنی پایداری (WAASB) و میانگین عملکرد (Y) (WAASB) برای ۱۶ ژنوتیپ نخود با توجه به وزن در نظر گرفته شده ۵۰:۵۰ برای عملکرد و پایداری

Figure 3. Estimated values of weighted average of the stability (WAASB) and mean performance (Y) (WAASBY) for 16 chickpea genotypes considering the weights of 50 and 50 for yield and stability, respectively

در شکل ۴ رتبه‌های ژنوتیپ‌ها بسته به وزن‌های داده شده به هر کدام از دو شاخص متغیر وابسته (GY) و پایداری (WAASB) نشان داده شده است. در مستطیل سیاه رنگ، شناسایی ژنوتیپ‌ها با معیار گزینش همزمان بر اساس میانگین عملکرد دانه (GY) و شاخص پایداری (WAASB)، یعنی مقادیر WAASBY انجام شده است که در آن وزن دهی ۵۰:۵۰ برای هر دو شاخص عملکرد دانه و WAASB استفاده شد که بیانگر اهمیت یکسان ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری و عملکرد دانه است، یعنی در گزینش یک ژنوتیپ این دو شاخص هر دو به یک اندازه اهمیت داده شده‌اند. در نخستین ستون سمت چپ، ژنوتیپ‌ها ۱۱، ۱۶، ۲ و ۵ پایداری‌ترین هستند و ژنوتیپ‌های ۱، ۷، ۱۲، ۱۴ و ۱۳ کمترین پایداری را دارند البته از آنجا که در این رتبه بندی هیچ گونه توجهی به عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها نشده است، چنین رتبه بندی نمی تواند از اعتبار بالایی برخوردار باشد. در این نمودار از چپ به راست، در هر ستون به وزن متغیر پاسخ (عملکرد دانه) پنج درصد افزوده و از وزن شاخص پایداری (WAASB)، پنج درصد کاسته شد، به طوری که در آخرین ستون سمت راست، رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها فقط بر اساس عملکرد دانه (با وزن ۱۰۰ درصد) انجام گرفت. بر این اساس ژنوتیپ‌های ۹، ۶، ۵، ۱۱، ۴ و ۸ بالاترین عملکرد دانه و ژنوتیپ‌های ۷، ۲ و ۱۶ کمترین میزان عملکرد دانه را داشتند. خوشه‌های سمت چپ این نمودار، برای شناسایی گروه‌های ژنوتیپی با نمود مشابه پایداری عملکرد و میانگین عملکرد دانه به کار برده می‌شود. ژنوتیپ‌های ۱، ۷، ۱۲ و ۱۴ ضعیف از نظر عملکرد و ناپایدار (سبز رنگ)، ژنوتیپ‌های ۲ و ۱۶ کم‌محصول و ناپایدار (قرمز

رنگ)، ژنوتیپ‌های ۳، ۱۰ و ۱۳ پایدار اما کم محصول (رنگ آبی)، و ژنوتیپ‌های ۴، ۵، ۶، ۸، ۹، ۱۱ و ۱۵ بسیار پر محصول و پایدار (رنگ مشکی) از نظر عملکرد دانه بودند، که بر اساس وزن‌دهی ۵۰:۵۰ برای دو شاخص نیز در رتبه‌های اول تا هفتم گزینش همزمان با پایداری عملکرد و عملکرد دانه (WAASBY) قرار داشتند.

برای افزایش کارایی انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایداری عملکرد از شاخص انتخاب همزمان استفاده شد (جدول ۳)، که حاصل جمع رتبه ژنوتیپ‌ها در هر کدام از شاخص‌های AMMI (در اینجا شامل ASV، SIPC، EV، ZA و WAASB) و رتبه ژنوتیپ از نظر متغیر پاسخ (عملکرد دانه) است و مقادیر پایین‌تر مطلوب است (Bocianowski *et al.*, 2019). با وجود آسان بودن تفسیر پایداری و میانگین عملکرد دانه با این شاخص‌ها، وجود ابهام‌هایی در آن می‌تواند منجر به درک نادرست در انتخاب یا توصیه یک ژنوتیپ نخود گردد. برای مثال، مقدار مشخص SSIEV برای دو ژنوتیپ ۱۶ و ۳ برابر با ۲۲ بود، حال آنکه این عدد از جمع ۱۴+۶ برای ژنوتیپ ۱۶ و ۹+۱۴ برای ژنوتیپ ۳ حاصل شده است. با توجه به اینکه در ژنوتیپ ۳، رتبه عملکرد دانه (۹) بهتر است و در ژنوتیپ ۱۶، رتبه پایداری عملکرد دانه (۶) بهتر است، با استفاده از این شاخص انتخاب همزمان (SSIEV) ژنوتیپ‌هایی با الگوهای متفاوت برای آزمایش‌های چند محیطی، مشابه در نظر گرفته شده‌اند. باید در نظر داشت که توصیه یک ژنوتیپ با پایداری عملکرد دانه، اما با عملکرد پایین با توصیف ژنوتیپی که در یک محیط عملکرد خوبی دارد، اما در سایر موارد دارای عملکرد پایینی است، کاملاً متفاوت است و در حالت دوم، توصیه ژنوتیپ برای محیط‌های خاص باید بررسی شود (Olivoto *et al.*, 2019 b). حال آنکه شاخص SSI، هر دو ژنوتیپ را دارای ارزش یکسان فرض می‌کند. رتبه‌بندی چنین ژنوتیپ‌هایی با شاخص WAASBY با توجه به وزن‌دهی متفاوت می‌تواند مشابه هم نباشد، چنانچه در شکل ۴ دیده می‌شود، ژنوتیپ ۶ در خوشه چهارم (ژنوتیپ با عملکرد پایدار و پر محصول) و ژنوتیپ ۳ در خوشه سوم (ژنوتیپ پایدار اما کم محصول) قرار گرفتند.



شکل ۴- نقشه حرارتی، رتبه‌بندی ژنوتیپ بر اساس محورهای مؤلفه اصلی مورد استفاده برای تخمین شاخص WAASB و رتبه‌های ژنوتیپ‌های نخود با در نظر گرفتن وزن‌های مختلف برای پایداری و عملکرد دانه. اولین رتبه سمت چپ، صرفاً بر اساس پایداری به دست آمده است. آخرین رتبه سمت راست نیز با در نظر گرفتن عملکرد دانه به دست آمده است. بین این دو انتها، رتبه‌ها از وزن‌های مختلف پایداری و عملکرد به دست آمده است. چهار خوشه، چهار گروه ژنوتیپی را نشان می‌دهد: (۱) ژنوتیپ‌های ضعیف از نظر عملکرد و ناپایدار (سبز رنگ)، (۲): ژنوتیپ‌های پر محصول اما ناپایدار (قرمز رنگ)، (۳) ژنوتیپ‌های پایدار اما کم محصول (رنگ آبی) و (۴) ژنوتیپ‌های بسیار پر محصول و پایدار (رنگ مشکی).

Figure 4. Heatmap shows the genotype ranking depending on the number of principal component axes used for estimating the WAASB index and ranks of chickpea genotypes considering different weights for stability and yielding. The most-left ranks were obtained only based on considering the stability. The most right-ranks were obtained based on considering the grain yield. Between the extremes, the ranks were obtained based on different weights for stability and yielding. The four clusters represent four classes of genotypes: (1) poorly productive and unstable genotypes (green color); (2) productive but unstable genotypes (red color); (3) stable but poorly productive genotypes (blue color) and (4) highly productive and stable genotypes (black color).

جدول ۳- شاخص‌های پایداری، رتبه ژنوتیپ‌ها و شاخص انتخاب همزمان (SSI) برای ژنوتیپ‌های نخود

Table 3. Stability indices, rank of genotypes and simultaneous selection index (SSI) for chickpea genotypes

Code	Grain yield(kg/ha)	ASV	SIPC	EV	ZA	WAASB	rGY	rASV
G1	1280	25.4	28.5	0.195	0.294	12.80	10	13
G2	1110	19.5	18.4	0.066	0.208	9.35	16	9

G3	1303	23.2	23.2	0.108	0.256	11.40	9	11
G4	1343	3.2	3.53	0.004	0.033	1.38	7	2
G5	1442	27.7	21.6	0.095	0.262	12.00	3	15
G6	1470	22.1	20.6	0.082	0.234	10.50	2	10
G7	1137	26.1	15.9	0.071	0.209	9.82	15	14
G8	1381	12.7	14.4	0.064	0.140	5.95	6	7
G9	1539	6.48	4.65	0.005	0.058	2.67	1	3
G10	1277	1.51	1.63	0.001	0.017	0.76	11	1
G11	1382	23.2	16	0.059	0.202	9.36	5	12
G12	1257	8.75	10	0.029	0.098	4.20	12	5
G13	1389	9.37	9.86	0.039	0.089	3.68	4	6
G14	1233	8.24	9.28	0.021	0.095	4.14	13	4
G15	1307	34.2	23.6	0.129	0.298	13.80	8	16
G16	1201	16.7	12.3	0.033	0.152	7.02	14	8

ادامه جدول ۳.

Table 3. Continued.

Code	rSIPC	rEV	rZA	rWAASB	SSIASV	SSISIPC	SSIEV	SSIZA	SSIWAASB
G1	16	16	15	15	23	26	26	25	25
G2	11	10	10	9	25	27	26	26	25
G3	14	14	13	13	20	23	23	22	22
G4	2	2	2	2	9	9	9	9	9
G5	13	13	14	14	18	16	16	17	17
G6	12	12	12	12	12	14	14	14	14
G7	9	11	11	11	29	24	26	26	26
G8	8	9	7	7	13	14	15	13	13
G9	3	3	3	3	4	4	4	4	4
G10	1	1	1	1	12	12	12	12	12
G11	10	8	9	10	17	15	13	14	15
G12	6	5	6	6	17	18	17	18	18
G13	5	7	4	4	10	9	11	8	8
G14	4	4	5	5	17	17	17	18	18
G15	15	15	16	16	24	23	23	24	24
G16	7	6	8	8	22	21	20	22	22

نکته دیگری که در هنگام استفاده از این شاخص‌ها باید به آن توجه کرد، این است که استفاده از شاخص انتخاب همزمان غیر پارامتری (SSI) برای شناسایی ژنوتیپ‌هایی که میانگین و پایداری عملکرد دانه بالایی دارند، به شرطی قابل پذیرش است که رتبه برای پایداری با ASV یا هر کدام از شاخص‌های AMMI دیگر قابل اعتماد باشد. برای مثال دو مؤلفه اصلی که در محاسبه ASV استفاده شده‌اند، سهم بالایی از برهمکنش ژنوتیپ در محیط را داشته باشند. اگر توجیه الگوی برهمکنش ژنوتیپ در محیط در دو مؤلفه اصلی پایین باشد، رتبه ASV ممکن است گمراه کننده باشد. بنابراین هنگام استفاده از این شاخص باید به این موضوع دقت شود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس ماتریس همبستگی رتبه بین معیارهای پایداری انجام گرفت. بر اساس نتایج حاصله، دو مؤلفه اصلی اول ۹۶/۸ درصد (به ترتیب ۷۵/۱ و ۲۱/۷ درصد) از واریانس متغیرهای اصلی را توجیه کردند. تمام پارامترهای اندازه‌گیری شده و شاخص‌های انتخاب همزمان با عملکرد دانه دارای همبستگی منفی بودند. بنابراین این پارامترها دارای مفهوم ایستا (بیولوژیکی) از پایداری هستند.

نتیجه‌گیری

بر پایه شاخص ASV، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۴، ۹، ۱۴ و ۱۲؛ شاخص SIPC، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۴، ۹، ۱۴ و ۱۳؛ شاخص EV، ژنوتیپ‌های ۱۰، ۴، ۹، ۱۴ و ۱۲؛ و شاخص ZA، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۱۱ پایدار بودند. هنگامی که از شاخص انتخاب همزمان (SSI) استفاده شد، بر اساس معیار SSIASV، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۶؛ معیار SSISIPC، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۸؛ معیار SSIEV، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۱۱ و بر اساس معیار SSIZA، ژنوتیپ‌های ۹، ۴، ۱۳، ۱۰ و ۸ برترین ژنوتیپ‌های خود بودند. نمودار بای‌پلات AMMI2 بر مبنای دو مؤلفه اصلی اول، ژنوتیپ‌های ۶، ۱۱، ۲ و ۶ را به عنوان ژنوتیپ‌های با عملکرد پایدار شناسایی کردند. بر اساس شاخص پایداری ژنوتیپی WAASBY، ژنوتیپ‌های ۱۱، ۶، ۵، ۴ و ۸ بسیار پر محصول و پایدار بودند. در مجموع به نظر می‌رسد که برای یک نتیجه‌گیری با اطمینان بالا، استفاده از نمودار WAASBY با وزن‌دهی متغیر از صفر تا صد برای شاخص WAASB و میانگین عملکرد دانه می‌تواند به نتایج مطمئن‌تری از تجزیه پایداری با بهره‌گیری از تجزیه‌هایی مانند تجزیه عاملی، BLUP و AMMI در شناسایی ژنوتیپ‌های برگزیده بینجامد. با توجه به اینکه از مدل مختلط و همچنین تمام مؤلفه‌ها در محاسبه شاخص WAASBY استفاده شد، به نظر می‌رسد که این شاخص برتر از سایر شاخص‌ها باشد.

سپاسگزاری

این مقاله مستخرج از پروژه تحقیقاتی با عنوان "بررسی تأثیر روش‌های مختلف خاک‌ورزی بر رشد و عملکرد نخود و عدس در شرایط دیم در پایگاه‌های نوآوری استان لرستان با شماره مصوب ۹۸۱۰۲۸-۶۰-۱۵۵۳-۵۹-۳ و شماره فروست ۶۲۶۰۱ سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی می‌باشد که بدین وسیله اعلام قدردانی می‌گردد.

References

- Azam, M.G., Iqba, M.S., Hossain, M.A. and Hossain, M.F., 2020. Stability investigation and genotype× environment association in chickpea genotypes utilizing AMMI and GGE biplot model. *Genetics and Molecular Research*. 19(3), 1-15.
- Balalić, I., Zorić, M., Branković, G., Terzić, S. and Crnobarac, J., 2012. Interpretation of hybrid× sowing date interaction for oil content and oil yield in sunflower. *Field Crops Research*. 137, 70-77.
- Bocianowski, J., Warzecha, T., Nowosad, K. and Bathelt, R., 2019. Genotype by environment interaction using AMMI model and estimation of additive and epistasis gene effects for 1000-kernel weight in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Applied Genetics*. 60(2), 127-135.
- Branković-Radojčić, D., Babić, V., Girek, Z., Živanović, T., Radojčić, A., Filipović, M. and Srđić, J., 2018. Evaluation of maize grain yield and yield stability by AMMI analysis. *Genetika*. 50(3), 1067-1080.

- Jan, A., Amanullah, Akbar H. and Blaser B.C., 2012. Chickpea response to tillage system and phosphorus management under dryland conditions. *Journal of Plant Nutrition*. 35, 64–70.
- Crossa, J., 1990. Statistical analyses of multilocation trials. *Advances in Agronomy*. 44, 55-85.
- Danyali, S.F., Razavi, F., Segherloo, A.E., Dehghani, H. and Sabaghpour, S.H., 2012. Yield stability in chickpea (*Cicer arietinum* L.) and study relationship among the univariate and multivariate stability parameters. *Research in Plant Biology*. 2(3), 6-61.
- Devita, P., Dipaolo, E., Fecondo, G., Difonzo, N. and Pisante, M., 2007. No-tillage and conventional tillage effects on durum wheat yield, grain quality and soil moisture content in southern Italy. *Soil Tillage Research*. 92, 69–78.
- Devkota, M., Patil, S.B., Kumar, S., Kehel, Z. and Wery, J., 2021. Performance of elite genotypes of barley, chickpea, lentil, and wheat under conservation agriculture in Mediterranean rainfed conditions. *Experimental Agriculture*. 57(2), 126-143.
- Dey, A., Patel, S. and Singh, H.P., 2022. An Approach to Understand Conservation Agriculture. In *Sustainable Agriculture Systems and Technologies*; Wiley: Hoboken, NJ, USA, pp. 201–223.
- Dhuria, N. and Babbar, A., 2021. Genotype× Environment (G×E) interaction and stability analysis of diverse elite kabuli chickpea lines for phenological and yield related traits under normal and heat stress environment. *Legume Research-An International Journal*. 44(1), 31-35.
- Erdemci, I., 2018. Investigation of genotype× environment interaction in chickpea genotypes using AMMI and GGE biplot analysis. *Turkish Journal of Field Crops*. 23(1), 20-26.
- Farshadfar, E., 2008. Incorporation of AMMI stability value and grain yield in a single non-parametric index (GSI) in bread wheat. *Pakistan Journal of Biological Sciences*. 11(14), 1791-1796.
- Fikre, A., Funga, A., Korbu, L., Eshete, M., Girma, N., Zewdie, A., Bekele, D., Muhamed, R., Daba, K. and Ojiewo, C.O., 2018. Stability analysis in chickpea genotype sets as tool for breeding germplasm structuring strategy and adaptability scoping. *Ethiopian Journal of Crop Science*. 6(2), 19-37.
- Funga, A., Tadesse, M., Eshete, M., Fikre, A., Korbu, L., Girma, N., Bekele, D., Mohamed, R., Bishaw, Z., Rao, G. and Siambi, M., 2017. Genotype by environment interaction on yield stability of desi type chickpea (*Cicer arietinum* L.) at major chickpea producing areas of Ethiopia. *Australian Journal of Crop Science*. 11(2), 212-219.
- Hassan, W., Li, Y., Saba, T., Jabbi, F., Wang, B., Cai, A. and Wu, J., 2022. Improved and sustainable agroecosystem, food security and environmental resilience through zero tillage with emphasis on soils of temperate and subtropical climate regions: A review. *International Soil and Water Conservation Research*. 10(3), 530-545. <https://doi.org/10.1016/j.iswcr.2022.01.005>
- Herrera, J.M., Verhulst, N., Trethowan, R.M., Stamp, P. and Govaerts, B., 2013. Insights into genotype × tillage interaction effects on the grain yield of wheat and maize. *Crop Science*. 53, 1845–1859.
- Huang, X., Jang, S., Kim, B., Piao, Z., Redona, E. and Koh, H.J., 2021. Evaluating genotype× environment interactions of yield traits and adaptability in rice cultivars grown under temperate, subtropical and tropical environments. *Agriculture*. 11(6), 558-270.
- Hussein, M.A., Bjornstad, A.S. and Aastveit, A.H., 2000. SASG× ESTAB: A SAS program for computing genotype× environment stability statistics. *Agronomy Journal*. 92(3), 454-459.

- Jat, M.L., Chakraborty, D., Ladha, J.K., Rana, D.S., Gathala, M.K., McDonald, A. and Gerard, B., 2020. Conservation agriculture for sustainable intensification in South Asia. *Nature Sustainability*. 3, 336–343. <https://doi.org/10.1038/s41893-020-0500-2>
- Jorben, J., Rao, A., Bharadwaj, C., Nitesh, S., Tiwari, N., Kumar, T. and Hegde, V., 2022. Multi-trait multi environment analysis for stability in MABC lines of Chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Indian Journal of Agricultural Sciences*. 92(8), 1005-1009.
- Karimizadeh, R., Pezeshkpour, P., Mirzaei, A., Barzali, M., Keshavarzi, K. and Sharifi, P., 2022. Evaluation of seed yield stability of chickpea genotypes using gge biplot method. *Isfahan University of Technology- Journal of Crop Production and Processing*. 11(4), 81-92. (In Persian with English abstract).
- Karimizadeh, R., Pezeshkpour, P., Barzali, M., Mehraban, A. and 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 with English abstract).
- Laffont, J.L., Hanafi, M. and Wright, K., 2007. Numerical and graphical measures to facilitate the interpretation of GGE biplots. *Crop Science*. 47(3), 990-996.
- Mohammed, A., Tefera, M., Kindie, Y., Bisetegn, S., Wudu, E., Asres, F., Assefie, S., Dagnachew, W. and Tefera, A., 2022. Evaluation of desi type chickpea (*Cicer artinum* L.) genotypes for yield and yield components in Eastern Amhara, Ethiopia. *Agricultural Science Digest-A Research Journal*. 42(1), 8-13.
- Olivoto, T., Lúcio, A.D., da Silva, J.A., Marchioro, V.S., de Souza, V.Q. and Jost, E., 2019 a. Mean performance and stability in multienvironment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*. 111, 2949–2960.
- Olivoto, T., Lúcio, A.D., da Silva, J.A., Sari, B.G. and Diel, M.I., 2019 b. Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*. 111(6), 2961-2969.
- Pezeshkpour, P., Karimizadeh, R., Mirzaei, A. and Barzali, M., 2021. Analysis of yield stability of chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes using AMMI method. *Journal of Crop Breeding*. 13(38), 60-70. (In Persian with English abstract).
- Pezeshkpour, P., Minapour, A. and Raeisvand, M., 2022. Seed yield stability of autumn sowing chickpea genotypes using nonparametric methods. *Journal of Crop Production*. 14(4), 1-20. (In Persian with English abstract).
- Pouresmael, M., Kanouni, H., Hajihassani, M., Astraki, H., Mirakhorli, A., Nasrollahi, M. and Mozaffari, J., 2018. Stability of chickpea (*Cicer arietinum* L.) landraces in national plant gene bank of Iran for drylands. *Journal of Agricultural Science and Technology*. 20(2), 387-400
- Rodrigues, P.C., Monteiro, A. and Lourenc, V.M., 2016. A robust AMMI model for the analysis of genotype-by-environment data. *Bioinformatics*. 32, 58–66.
- Rubiales, D., Moral, A. and Flores, F., 2022. Performance of winter-sown chickpea breeding lines with contrasting levels of resistance to ascochyta blight. *Agronomy*. 12(9), 2194-2206.
- Sedri, M.H., Roohi, E., Niazian, M. and Niedbała, G., 2021. Interactive effects of nitrogen and potassium fertilizers on quantitative- qualitative traits and drought tolerance indices of rainfed wheat cultivar. *Agronomy*. 12(1), 30. <https://doi.org/10.3390/agronomy12010030>

- Sellami, M.H., Lavini, A. and Pulvento, C., 2021. Phenotypic and quality traits of chickpea genotypes under rainfed conditions in south Italy. *Agronomy*. 11(5), 962-977.
- Singh, K.B., Malhotra, R.S., Saxena, M.C. and Bejiga, G., 1997. Superiority of winter sowing over traditional spring sowing of chickpea in the Mediterranean region. *Agronomy Journal*. 89(1), 112-118.
- Singh, R., Kumar, K., Purayannur, S., Chen, W. and Verma, P.K., 2022. *Ascochyta rabiei*: A threat to global chickpea production. *Molecular Plant Pathology*. 23(9), 1241-1261.
- Smith, A.B., Cullis, B.R. and Thompson, R., 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. *The Journal of Agricultural Science*. 143(6), 449-462.
- Tamang, S., Saha, P., Bhattacharya, S. and Das, A., 2022. Unveiling genotype× environment interactions towards identification of stable sources of resistance in chickpea—collar rot pathosystem exploiting GGE biplot technique. *Australasian Plant Pathology*. 51(1), 47-58.
- Tekalign, A., Sibiya, J., Derera, J. and Fikre, A., 2017. Analysis of genotype× environment interaction and stability for grain yield and chocolate spot (*Botrytis fabae*) disease resistance in faba bean (*Vicia faba*). *Australian Journal of Crop Science*. 11(10), 1228-1235.
- Thennarasu, K., 1995. On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. Doctoral dissertation, IARI, *Division of Agricultural Statistics*, New Delhi.
- Mazid, A., Shideed, K., El-Abdullah, M., Zyadeh, G. and Jumaa, M., 2013. Impacts of crop improvement research on farmers livelihoods: The case of winter sown chickpea in Syria. *Experimental Agriculture*. 49(3), 336-351.
- Wright, K. and Laffont, J.L., 2018. Package ‘gge’. <https://github.com/kwstat/gge/issues>.
- Yan, W., Hunt, L.A., Sheng, Q. and Szlavnick, Z., 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*. 40(3), 597-605.