University of Guilan
Faculty of Agricultural Sciences

Cereal Research
Vol. 15, No. 1, Spring 2025 (85-113)
doi: 10.22124/CR.2025.29968.1857
pISSN: 2252-0163 eISSN: 2538-6115

REVIEW PAPER OPEN ACCESS

A review of stability analysis methods in plant breeding with an emphasis on cereals, I: Non-parametric and univariate parametric approaches

Nishtman Abdi [1], Mona Bordbar[2], Reza Darvishzadeh[3*], Babak Rabiei[4], Hadi Alipour[5], Somaieh Soufimaleky[6], Hamid Hatami Maleki[7] and Mitra Jabbari[8]

1. Post-Doctoral Researcher, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
2. Ph. D. Student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
3. Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran ([*] Corresponding author: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)
4. Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
5. Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
6. M. Sc. Graduate, Institut des Sciences du Cerveau de Toulouse, Toulouse, France
7. Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran
8. Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Higher Education Complex of Saravan, Saravan, Iran

Comprehensive abstract

Introduction

Genotype × environment interaction (GEI) significantly affects the performance of different genotypes under various environmental conditions, posing challenges for agricultural researchers focused on improving crop varieties. Selection and introduction of genotypes, as a key steps in breeding programs, is complex and time-consuming due to the impacts of biotic and abiotic stresses. An ideal genotype should not only have high yield, but also be able to maintain its stability across varying conditions and not have high yield fluctuations. This is a dynamic concept of stability and can help identify suitable genotypes, however, none of the existing methods alone can explain all dimensions of performance across different environments. Therefore, for the effective selection of superior genotypes and understanding the genotype×environment interaction, it is essential to analyze multiple datasets from multi-environment trials (METs) from various aspects of yield stability. In this regard, various methods with high accuracy have been proposed for analyzing the stability of genotypes, which can be divided into two main groups, including non-parametric and parametric (univariate and multivariate) methods. In this study, the efficiency of various non-parametric and univariate parametric stability methods are comprehensively reviewed and compared with an emphasis on cereals. Moreover, the fundamental concepts of GEI, its causes, its necessity and importance, as well as how to evaluate the stability and performance of genotypes in METs are explained.

Research findings

The results of this study indicated that stability analysis methods, including parametric methods based on regression analysis and analysis of variance as well as non-parametric methods, each have their specific advantages and disadvantages. It seems that parametric methods are more effective in analyzing genotype × environment interactions, while non-parametric methods are more suitable for analyzing non-crossing interactions. The sample size and the breeder's objective are important and key

factors in selecting the type of stability analysis method. In small sample conditions, parametric methods have an advantage, however, as the sample size increases, the effectiveness of both methods becomes nearly equal. It seems that the combination of these two types of indices can assist breeders in selecting superior and stable genotypes.

Conclusion

In the current study, the effectiveness of non-parametric and parametric methods in assessing and measuring the stability and performance in multi-environment trials (METs) was investigated and compared. The use of various stability analysis methods enables researchers and breeders to select promising genotypes based on performance and stability, ultimately contributing to increase the sustainability of crop production and food security.

Keywords: Genotype×environment interaction (GEI), Multi-environment trials (METs), Performance stability, Regression-based indices, Variance analysis-based indices

Received: February 26, 2025 Accepted: April 20, 2025

Cite this article:

Abdi, N., Bordbar, M., Darvishzadeh, R., Rabiei, B., Alipour, H., Soufimaleky, S., Hatami Maleki, H., & Jabbari, M. (2025). A review of stability analysis methods in plant breeding with an emphasis on cereals, I: Non-parametric and univariate parametric approaches. *Cereal Research*, *15*(1), 85-113. doi: 10.22124/CR.2025.29968.1857.

تحقیقات غلات
دوره پانزدهم، شماره اول، بهار ۱۴۰۴ (۱۱۳-۸۵)
doi: 10.22124/CR.2025.29968.1857

مقاله مروری
دسترسی آزاد

مروری بر روش‌های تجزیه پایداری در به‌نژادی گیاهی با تاکید بر غلات، ۱- رویکردهای ناپارامتری و پارامتری تک‌متغیره

نیشتمان عبدی[۱]، مونا بردبار[۲]، رضا درویش‌زاده[۳*]، بابک ربیعی[۴]، هادی علیپور[۵]، سمیه صوفی ملکی[۶]، حمید حاتمی ملکی[۷] و میترا جباری[۸]

۱- محقق پسادکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۲- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۳- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران (* نویسنده مسئول: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)
۴- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران
۵- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۶- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، انستیتو علوم اعصاب تولوز، تولوز، فرانسه
۷- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران
۸- استادیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، مجتمع آموزش عالی سراوان، سراوان، ایران

چکیده جامع

مقدمه: برهمکنش ژنوتیپ × محیط (GEI; Genotype × Environment Interaction) به‌طور قابل توجهی بر عملکرد انواع مختلف ژنوتیپ‌ها در شرایط محیطی مختلف تأثیر می‌گذارد و چالش‌هایی برای محققان کشاورزی که بر بهبود عملکرد رقم‌های زراعی متمرکز هستند، ایجاد می‌کند. انتخاب و معرفی ژنوتیپ‌ها به‌عنوان یکی از مراحل کلیدی در برنامه‌های به‌نژادی، به‌دلیل تأثیرات ناشی از تنش‌های زیستی و غیرزیستی، پیچیده و زمان‌بر است. یک ژنوتیپ مطلوب، ضمن اینکه باید عملکرد بالایی داشته باشد، در عین حال باید بتواند پایداری خود را در شرایط محیطی مختلف حفظ کند و در حقیقت نباید نوسانات عملکرد زیادی در محیط‌های مختلف داشته باشد. این یک مفهوم پویا از پایداری است و به شناسایی ژنوتیپ‌های مناسب کمک می‌کند، اما هیچ‌یک از روش‌های موجود به‌تنهایی نمی‌توانند تمامی ابعاد عملکرد را در محیط‌های مختلف توضیح دهند. بنابراین، برای انتخاب مؤثر ژنوتیپ‌های برتر و درک برهمکنش ژنوتیپ × محیط، ضروری است که داده‌های چندگانه در آزمایش‌های چندمحیطی (METs; Multi-Environment Trials) از جنبه‌های مختلف پایداری عملکرد مورد بررسی قرار گیرند. در این راستا، روش‌های مختلف با دقت بالا برای تجزیه پایداری ژنوتیپ‌ها ارائه شده است که می‌توان آن‌ها را به دو گروه عمده، شامل روش‌های ناپارامتری و پارامتری (تک‌متغیره و چندمتغیره) تقسیم کرد. در این مطالعه، کارایی روش‌های مختلف ناپارامتری و پارامتری تک‌متغیره تجزیه پایداری به‌طور جامع با تأکید بر غلات مورد ارزیابی و مقایسه قرار می‌گیرند. علاوه بر این، مفاهیم بنیادی برهمکنش ژنوتیپ × محیط، دلایل ایجاد، ضرورت و اهمیت مطالعه آن و همچنین نحوه ارزیابی پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها در آزمایش‌های چندمحیطی تشریح می‌شوند.

یافته‌های تحقیق: نتایج این مطالعه نشان داد که روش‌های تحلیل پایداری، شامل روش‌های پارامتری مبتنی بر تحلیل رگرسیون و تحلیل واریانس و همچنین روش‌های ناپارامتری، هر کدام دارای مزایا و معایب خاص خود هستند. به‌نظر می‌رسد که روش‌های پارامتری در تحلیل برهمکنش ژنوتیپ × محیط کارایی بیش‌تری دارند، در حالی‌که روش‌های ناپارامتری برای تجزیه و تحلیل برهمکنش‌های غیرمتقاطع مناسب‌تر هستند. اندازه نمونه و هدف به‌نژادگر از عامل‌های مهم و کلیدی در انتخاب نوع روش تجزیه پایداری هستند. برای نمونه‌های کوچک، روش‌های پارامتری برتری محسوسی دارند، اما با افزایش اندازه نمونه مورد مطالعه، کارآیی هر دو روش تقریباً یکسان می‌شود. به‌نظر می‌رسد که ترکیب این دو نوع شاخص، می‌تواند در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر و پایدار به محققان به‌نژادی کمک کند.

نتیجه‌گیری: در این مطالعه، کارآیی روش‌های ناپارامتری و پارامتری تک‌متغیره در ارزیابی و سنجش پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها در آزمایش‌های چندمحیطی (METs) مورد بررسی و مقایسه قرار گرفت. استفاده از روش‌های تحلیل پایداری متنوع، به محققان و به‌نژادگران این امکان را می‌دهد که ژنوتیپ‌های امیدبخش را بر اساس عملکرد و پایداری انتخاب و در افزایش پایداری تولید محصول و امنیت غذایی کمک کنند.

واژه‌های کلیدی: آزمایش‌های چندمحیطی (METs)، پایداری عملکرد، تعامل ژنوتیپ×محیط (GEI)، شاخص‌های مبتنی بر رگرسیون، شاخص‌های مبتنی بر تجزیه واریانس

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۲/۰۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۱/۳۱

نحوه استناد به این مقاله:

عبدی، نیشتمان، بردبار، مونا، درویش‌زاده، رضا، ربیعی، بابک، علیپور، هادی، صوفی ملکی، سمیه، حاتمی ملکی، حمید، و جباری، میترا. (۱۴۰۴). مروری بر روش‌های تجزیه پایداری در به‌نژادی گیاهی با تاکید بر غلات، ۱- رویکردهای ناپارامتری و پارامتری تک‌متغیره. *تحقیقات غلات*، *۱۵*(۱)، ۱۱۳-۸۵.. doi: 10.22124/CR.2025.29968.1857

مقدمه

در آزمایش‌های چندمحیطی (METs) در به‌نژادی گیاهی، مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف (مکان‌ها، سال‌ها یا ترکیبی از سال و مکان) مورد ارزیابی قرار می‌گیرند. هدف اصلی از این آزمایش‌ها، توصیه ژنوتیپ‌های مناسب برای محیط‌های خاص یا شبیه‌سازی محیط‌های هدف کلان است (Olivoto *et al*., 2019; Vaezi *et al*., 2019). در این گونه آزمایش‌ها، معمولاً ژنوتیپ‌ها در هر محیط در قالب یکی از طرح‌های آماری نظیر بلوک‌های کامل تصادفی با بیش از دو تکرار ارزیابی می‌شوند. در واقع، METها به شناسایی ژنوتیپ‌هایی که دارای تنوع کم یا سازگاری بالا در چندین محیط هستند، کمک می‌کنند.

در ارزیابی یک مجموعه ژنوتیپ در METها، علاوه بر اثر افزایشی ژنوتیپ (G) و محیط (E)، تعامل بین این دو عامل که به‌عنوان برهمکنش ژنوتیپ و محیط (GEI) شناخته می‌شود، نیز بررسی می‌شود. شلیکتینگ (Schlichting, 1986) تأکید می‌کند که GEI نباید با انعطاف‌پذیری فنوتیپی که به واکنش یک ژنوتیپ تحت شرایط محیطی مختلف اشاره دارد، اشتباه گرفته شود. در این راستا، تمایز بین برهمکنش ژنوتیپ × محیط (GEI) و همبستگی ژنوتیپ × محیط (GEC) ضروری است. GEC زمانی رخ می‌دهد که اثرات فنوتیپی و محیطی به‌طور مستقل از یکدیگر عمل نکنند. زمانی برخی ژنوتیپ‌ها برای دستیابی به عملکرد مطلوب نیاز به نهاده‌های (ورودی‌های) محیطی اضافی دارند، همبستگی ژنوتیپ × محیط شکل می‌گیرد (Kang, 1997). این پدیده زمانی رخ می‌دهد که برخی از ژنوتیپ‌ها تحت تأثیر اثرات محیطی مثبت و سایر ژنوتیپ‌ها تحت تأثیر اثرات محیطی منفی قرار گیرند (Crow, 1986; Doolittle, 1987). همبستگی ژنوتیپ × محیط را می‌توان با اجرای طرح‌های آزمایشی مناسب و توزیع تصادفی تیمارها در واحدهای آزمایشی حذف کرد. در مقابل، GEI به‌طور ویژه به واکنش‌های متفاوت ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف اشاره دارد.

برای درک دقیق‌تر این مفهوم، کراو (Crow, 1986) همبستگی ژنوتیپ و محیط را به‌صورت زیر توضیح داد: اگر اندازه‌گیری z شامل دو مؤلفه x و y باشد؛ واریانس z به‌صورت $V_z = V_x + V_y + 2Cov_{xy}$ محاسبه می‌شود. در صورتی که x و y مستقل از یکدیگر باشند، همبستگی بین آنها (Cov_{xy}) برابر با صفر خواهد شد.

واریانس فنوتیپی (V_P) به‌صورت مجموع چهار مؤلفه $V_P = V_G + V_E + V_{GE} + 2\,Cov_{GE}$ بیان می‌شود که در آن، V_G واریانس ژنتیکی، V_E واریانس محیطی، V_{GE} واریانس ناشی از تعامل ژنوتیپ و محیط و Cov_{GE} همبستگی میان ژنوتیپ و محیط است. در این رابطه، مجموع $2Cov_{GE}$ و V_{GE} به‌طور مستقیم به‌عنوان بخش‌هایی از واریانس کل در نظر گرفته می‌شوند. توجه این نکته ضروری است که حتی در صورت وجود همبستگی میان ژنوتیپ و محیط، ارتباط بین ارزش فنوتیپی با ژنوتیپ و محیط به‌صورت $P = G + E$ است، اما در صورت وجود تعامل بین ژنوتیپ با محیط، ارزش فنوتیپی به‌صورت $P = G + E + I_{GE}$ تغییر خواهد کرد که در آن I_{GE} میزان تعامل ژنوتیپ و محیط است.

اخیراً اصطلاح جدیدی به نام "محیط‌سنجی" معرفی شده است که مکمل «ژنوتیپ‌سنجی» و «فنوتیپ‌سنجی» است (Cooper *et al*., 2016; van Eeuwijk *et al*., 2016; Xu, 2016). این مفهوم به بررسی تأثیر تعامل ژنوتیپ و محیط (GEI) می‌پردازد و هدف آن کمک به درک بهتر اثر محیط بر گیاهان زراعی است. محیط‌سنجی نقش کلیدی در مدل‌سازی عملکرد محصولات و پیش‌بینی فنوتیپ‌ها به‌ویژه در شبیه‌سازی تعاملات ژنوتیپ و محیط و شناسایی ژن‌های حساس به شرایط محیطی و همچنین شبیه‌سازی تنش‌های محیطی ایفا می‌کند. این رویکرد به پیش‌بینی و مدیریت اثرات GEI در آزمایش‌های چندمحیطی در برنامه‌های به‌نژادی گیاهان کمک شایانی می‌کند (Pauli *et al*., 2016).

برهمکنش ژنوتیپ × محیط (GEI) را می‌توان به دو نوع تقسیم کرد: (الف) برهمکنش کیفی یا متقاطع و (ب) برهمکنش کمّی یا غیرمتقاطع. زمانی که ترتیب عملکرد ژنوتیپ‌ها از یک محیط به محیط دیگر تغییر کند، برهم‌کنش متقاطع رخ می‌دهد. در مقابل، برهم‌کنش غیرمتقاطع به تغییرات میزان عملکرد ژنوتیپ‌ها بدون تغییر در ترتیب آن‌ها در محیط‌های مختلف اشاره دارد. در این زمینه، اگر واکنش یک ژنوتیپ به شرایط محیطی مشابه با واکنش میانگین سایر ژنوتیپ‌ها باشد، آن ژنوتیپ به‌عنوان "ژنوتیپ پایدار" شناخته می‌شود، به این معنا که عملکرد آن تحت تأثیر تغییرات شرایط محیطی به‌طور قابل توجهی تغییر نمی‌کند (Yan & Kang, 2002; Kang, 2020). تمایل به مدل‌سازی GEI منجر به توسعه مجموعه‌ای از روش‌ها و رویکردها موسوم به «تجزیه‌های

پایداری» شده است (Mooers, 1921). اصطلاحات "پایداری عملکرد" و "پایداری فنوتیپی" معمولاً برای اشاره به تغییرات در بیان فنوتیپی عملکرد محصول به‌کار می‌روند، در حالی‌که ترکیب ژنوتیپی رقم‌ها ثابت باقی می‌ماند (Becker & Leon, 1988). بررسی پایداری در برنامه‌های به‌نژادی که در آن اثر GEI معنی‌دار باشد، اهمیت ویژه‌ای دارد. تعامل ژنوتیپ × محیط می‌تواند به‌صورت مثبت یا منفی بر عملکرد گیاهان تأثیر بگذارد. درک این تعاملات برای انتخاب بهترین ژنوتیپ‌ها در هر شرایط ضروری است. برای مثال، برخی از ژنوتیپ‌ها ممکن است در شرایط اقلیمی یا در مکان‌های مشخصی، عملکرد بالاتری داشته باشند، در حالی‌که در شرایط دیگر ممکن است عملکرد آن‌ها کاهش یابد. در این حالت، تجزیه و تحلیل پایداری می‌تواند به شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار که عملکرد مطلوبی در شرایط محیطی متغیر دارند، کمک کند (Kang, 2020).

در سال‌های اخیر، روش‌های مختلفی برای تجزیه و تحلیل تعاملات GEI و پایداری توسعه یافته است. این روش‌ها شامل مدل‌های آماری پیچیده و تکنیک‌های بیوانفورماتیک هستند که به پژوهشگران این امکان را می‌دهند که داده‌های بزرگ و پیچیده را پردازش کرده و نتایج دقیق‌تری استخراج کنند. علاوه بر این، با پیشرفت فناوری‌های نوین، امکان شناسایی نشانگرهای ژنتیکی مرتبط با پایداری فراهم شده است که می‌تواند به تسریع فرآیند انتخاب ژنتیکی کمک کند (Crossa *et al*., 1999; Kang, 2020). با توجه به اهمیت تجزیه و تحلیل پایداری در کشاورزی مدرن، تحقیقات بیش‌تر در این زمینه ضروری به‌نظر می‌رسد. این مطالعه با اهداف علمی زیر تدوین شده است: ۱- بررسی مفهوم برهمکنش ژنوتیپ × محیط و اهمیت آن در آزمایش‌های به‌نژادی گیاهان و همچنین ارائه راهکارهای مدیریتی برای بهینه‌سازی این برهمکنش، ۲- ارزیابی و مقایسه کارایی روش‌های ناپارامتری و پارامتری در سنجش پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها با تأکید بر مزایا و معایب هر یک از این روش‌ها، ۳- تعیین شرایط بهینه برای انتخاب روش‌های تحلیلی شامل اهداف به‌نژادگر و اندازه نمونه به‌منظور افزایش دقت و قابلیت اطمینان نتایج، ۴- پیشنهاد راه‌کارهایی برای ترکیب روش‌های مختلف تحلیل به‌منظور شناسایی و انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد پایدار و بهینه، ۵- ارائه اطلاعات و نتایج تحقیقاتی به برنامه‌ریزان و سیاست‌گذاران به‌منظور دستیابی به تولید پایدار و تأمین امنیت غذایی برای جمعیت رو به رشد. این تحقیقات می‌توانند به توسعه راه‌کارهای جدید برای بهبود عملکرد محصولات کشاورزی در شرایط محیطی مختلف کمک کنند و منجر به افزایش امنیت غذایی جهانی شوند.

اهمیت برهمکنش ژنوتیپ × محیط (GEI)

برهمکنش ژنوتیپ × محیط یکی از جنبه‌های اساسی در علوم ژنتیک و به‌نژادی گیاهان زراعی به‌شمار می‌آید. درک این پدیده به به‌نژادگران کمک می‌کند تا ارزیابی دقیق‌تری از ژنوتیپ‌ها داشته باشند و بهترین ژنوتیپ‌ها را شناسایی و معرفی کنند (Lin *et al*., 1986; Becker, 1981). برهمکنش ژنوتیپ×محیط می‌تواند اثرات منفی بر ارزیابی عملکرد رقم‌های اصلاح شده و محیط‌های زراعی داشته باشد. به‌عبارت دیگر، هنگامی که عملکرد یک رقم تحت تأثیر شرایط محیطی متفاوت قرار می‌گیرد، ممکن است مقایسه رقم‌های مختلف با مشکل مواجه شود و این امر، انتخاب بهترین رقم برای کشت را پیچیده‌تر کند (Silvey, 1981). GEI تاثیرات چشم‌گیری بر تمامی مراحل برنامه‌های به‌نژادی و تبعات زیادی برای تخصیص منابع به‌دنبال دارد. برای مثال، وجود یک GEI بزرگ به این معناست که برای دستیابی به نتایج معتبر باید رقم‌های مختلف در محیط‌های متنوع (مکان‌ها و/یا سال‌ها) آزمایش شوند. اگر الگوهای آب‌وهوایی و/ یا شیوه‌های مدیریتی در مناطق هدف متفاوت باشند، باید آزمایش در چندین مکان به‌عنوان نماینده مناطق هدف انجام شود که این امر نیازمند افزایش منابع (نیروی انسانی، زمین و بودجه) است (Kang, 1997; Annicchiarico, 2002).

کانگ (Kang, 1993a) به معایب حذف ژنوتیپ‌هایی که فقط در یک محیط در مراحل اولیه برنامه‌های به‌نژادی ارزیابی شده‌اند، اشاره کرد. ژنوتیپ‌های حذف‌شده ممکن است پتانسیل عملکرد خوب در مکان‌ها یا سال‌های دیگر داشته باشند. بنابراین، برخی از ژن‌های بالقوه مفید ممکن است به‌دلیل آزمایش محدود از دست بروند. آزمایش‌های چندمحیطی (MET) این امکان را به به‌نژادگران می‌دهند تا برهمکنش ژنوتیپ و محیط (GEI) را برآورد کنند و در نتیجه تخمین کامل‌تر و قابل اعتمادتری از عملکرد گیاه، تنوع و وراثت‌پذیری که برای انتخاب‌های مؤثر ضروری است، داشته باشند (Reyes-Herrera *et al*., 2020; Fernández-Paz *et al*., 2021). بنابراین، نیازی نیست

که GEI فقط به‌عنوان یک چالش در نظر گرفته شود، بلکه می‌تواند به‌عنوان یک ابزار مهم برای شناسایی و حفظ ژنوتیپ‌های با پتانسیل بالا در شرایط مختلف عمل کند (Kang & Gauch, 1996). از آنجایی که وراثت‌پذیری یک صفت کمّی مانند عملکرد دانه، نقش اساسی در پیشرفت ژنتیکی در چرخه انتخاب دارد، تأثیر GEI بر تخمین وراثت‌پذیری موضوعی قابل‌توجه و بحث‌برانگیز است. در واقع، وراثت‌پذیری نشان‌دهنده سهم تغییرات یا تنوع مشاهده شده در ویژگی‌های ظاهری یا عملکردی یک جمعیت است که به عوامل ژنتیکی مرتبط می‌شود (Holland *et al*., 2002). GEI به‌عنوان جزئی از واریانس کل فنوتیپی، اثر منفی بر وراثت‌پذیری دارد، بدین معنا که هر قدر GEI بزرگ‌تر باشد، مقدار وراثت‌پذیری کاهش می‌یابد و بنابراین پیشرفت از طریق انتخاب محدود خواهد شد (Becker, 1981).

عوامل مؤثر در ایجاد GEI

برای درک عمیق‌تر GEI و بهره‌برداری از آن در به‌نژادی گیاهان، بررسی عواملی که موجب واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به تغییرات محیطی شوند، ضروری است. محیط می‌تواند به سه صورت مختلف در نظر گرفته شود: شرایط بهینه (شرایط ایده‌آل برای رشد گیاه)، شرایط زیر حالت بهینه (شرایطی که برای گیاه مناسب نیستند و ممکن است به آن تنش وارد کنند) و شرایط بالای حالت بهینه (شرایطی که بیش از حد نیاز گیاه هستند و می‌توانند به گیاه آسیب برسانند). زمانی که گیاه در شرایط زیر حالت بهینه یا بالای حالت بهینه قرار می‌گیرد، دچار تنش می‌شود. طبق نظر بیکر (Baker, 1988)، اگر ژنوتیپ‌ها در شرایط زیر حالت بهینه رشد کنند، تفاوت‌های موجود بین آن‌ها نشان دهنده کارایی آن‌ها می‌باشد. همچنین، اگر در شرایط بالای حالت بهینه قرار گیرند و عملکردشان کاهش یابد، این تفاوت‌ها می‌تواند نشان دهنده تحمل آن‌ها به شرایط دشوار باشد. بنابراین، شناسایی ویژگی‌های مهم ژنوتیپ‌ها مانند کارایی و تحمل، نیازمند مواجهه با تنش (های) محیطی است. عوامل مؤثر در ایجاد برهمکنش ژنوتیپ و محیط، تنش‌های محیطی هستند که به دو دسته تقسیم می‌شوند: تنش‌های زیستی شامل بیماری‌ها و عفونت‌های ناشی از آن‌ها که می‌توانند سیستم‌های دفاعی گیاه را فعال کنند، و تنش‌های غیرزیستی شامل عواملی مانند آلودگی، مشکلات خاک (مانند شوری)، تغییرات دما و تنش‌های آبی (خشک‌سالی یا سیلاب) هستند. به‌طور کلی، برهمکنش ژنوتیپ و محیط تحت تأثیر انواع مختلف تنش‌ها قرار دارد و واکنش گیاهان به این تنش‌ها می‌تواند در سطوح مولکولی و ژنتیکی تحلیل شود. این اطلاعات به محققین کمک می‌کند تا درک بهتری از مقاومت گیاهان در برابر شرایط نامساعد محیطی به‌دست آورند و آن‌ها را به‌طور مؤثری در برنامه‌های به‌نژادی به‌کار گیرند.

اثرات محیط بر ژنوم

اثر محیط بر ژنوم را می‌توان از دو جنبه "تاثیر محیط بر بیان ژن" و "تاثیر محیط بر ساختار ژن‌ها و ژنوم" مورد بررسی قرار داد. تاثیر محیط بر ساختار ژن‌ها جهش نامیده می‌شود. این تغییر می‌تواند از یک نوکلئوتید تا بخش بزرگی از ژنوم را شامل شود.

محققان به بررسی نقش توارث سخت و نرم در سازگاری گیاهان به تنش‌های محیطی پرداخته‌اند. توارث سخت که به توارث مندلی نیز معروف است، فرآیندی کُند است که به جهش‌های نادر ژنتیکی و گزینش طبیعی وابسته است و نمی‌تواند نیازهای موجودات یا جمعیت‌ها را در محیط‌های پویا و متغیر تأمین کند. در مقابل، توارث نرم، سیستمی سریع و انعطاف‌پذیر است که به گیاهان امکان می‌دهد تا به‌سرعت به شرایط جدید محیطی پاسخ دهند. تحقیقات نشان داده‌اند که تغییرات در ساختارهای بسته‌بندی DNA مانند کروماتین، می‌تواند منجر به تغییرات فنوتیپی بیش‌تری نسبت به جهش‌ها شود و این ایده که تنها آلل‌های DNA عامل تغییرات فنوتیپی در جمعیت‌ها هستند را زیر سؤال می‌برد (Boyko & Kovalchuk, 2011). مکانیزم تغییر بیان ژن توسط سیگنال‌های محیطی بیرونی و درونی بدون تغییر در ساختمان ژن که برای مدت زمان طولانی در غیاب علامت محیطی مربوطه همچنان ادامه می‌یابد، اپی‌ژنتیک نامیده می‌شود (Handel *et al*., 2009). تغییرات اپی‌ژنتیکی، که بدون تغییر در توالی‌های نوکلئوتیدی اتفاق می‌افتند، مکانیسم‌هایی را در سلول‌های گیاهی فعال می‌کنند که سازگاری به تنش‌های محیطی را تسریع می‌کند. این تغییرات (اپی‌ژنتیکی) به تغییرات پیچیده فنوتیپی گیاهان افزوده می‌شوند و برخلاف تغییرات ژنتیکی، برگشت‌پذیرند و تحت تأثیر محرک‌های محیطی قرار دارند. این تغییرات می‌توانند از والدین به نسل‌های بعد منتقل شوند و ممکن است در سطح جمعیت از آلل‌های DNA قابل تشخیص

نباشند (Tonosaki *et al*., 2022). به‌نظر می‌رسد که تغییرات اپی‌ژنتیکی ممکن است با تغییرات ژنتیکی مرتبط باشند یا مستقل از آن‌ها عمل کنند. در شرایط جدید محیطی، الگوی رونویسی ژن‌ها تغییر می‌کند و این فرآیند تحت تأثیر تنظیم‌کننده‌های اپی‌ژنتیکی قرار دارد. سوال اصلی این است که سهم تغییرات ژنتیکی و اپی‌ژنتیکی در سازگاری و بقا جمعیت‌های گیاهی تحت تنش‌های محیطی چقدر است و چگونه صفات پیچیده تحت تنش‌ها پایدار می‌شوند؟ برخی پژوهشگران معتقدند که جمعیت‌ها تحت تنش‌های محیطی، تغییرات فنوتیپی وسیعی را نشان می‌دهند، اما متغیرهای ژنتیکی کم‌تری دارند. به‌نظر می‌رسد که در فرآیند سازگاری به تنش‌های محیطی، تغییرات ژنتیکی کاهش و تغییرات اپی‌ژنتیکی افزایش می‌یابند. این نظریه نشان می‌دهد که تغییرات ژنتیکی و اپی‌ژنتیکی ممکن است به‌صورت مستقل از یکدیگر بروز کنند. با این‌حال، نظرات دیگری نیز وجود دارد که بر اهمیت بیش‌تر تغییرات ژنتیکی نسبت به تغییرات اپی‌ژنتیکی در شرایط تنش تأکید دارند (Taudt *et al*., 2016; Gupta & Salgotra, 2022).

به طور کلی، جمعیت‌های گیاهی تحت تأثیر تنش‌های محیطی ممکن است دو نوع فرآیند را تجربه کنند. این فرایندها منجر به ظهور فنوتیپ‌های جدید می‌شود که تحت گزینش طبیعی قرار می‌گیرند. این دو فرآیند ممکن است به‌تنهایی یا به‌طور همزمان در تسریع پاسخ گیاه به تنش دخالت داشته باشند. تغییرات تظاهر ژن ممکن است منجر به تغییرات فنوتیپی انعطاف‌پذیر در کوتاه‌مدت یا تغییرات فنوتیپی توارث‌پذیر در طولانی‌مدت شود. وجود حافظه تنش به گیاه کمک می‌کند تا در برابر تنش‌های آینده مقاوم‌تر باشد. مسیر کامل پاسخ به تنش، تلاشی برای تحمل یا مقاومت در برابر تغییرات محیطی است که بقا گیاه را تضمین می‌کند (Kakoulidou *et al*., 2021).

راه‌کارهای مؤثر برای مدیریت اثرات GEI

تعامل ژنوتیپ×محیط (GEI) تأثیرات قابل توجهی بر راه‌کارهای به‌نژادی، که هدف آن‌ها بهبود سازگاری عمومی یا خصوصی یا ترکیبی از این دو است، دارند (Cooper *et al*., 1999). ایسمان و همکاران (Eisemann *et al*., 1990) سه رویکرد اصلی را برای مدیریت اثرات GEI پیشنهاد کردند:

۱- نادیده گرفتن تعاملات GEI: در این روش، میانگین‌های ژنوتیپی در محیط‌های مختلف مورد استفاده قرار می‌گیرد، حتی اگر GEI وجود داشته باشد.

۲- اجتناب از تعاملات GEI: در این رویکرد، تلاش می‌شود تا تأثیرات منفی تعاملات معنی‌دار به حداقل برسد. یکی از راه‌کارهای این رویکرد، گروه‌بندی محیط‌های مشابه (ایجاد ابرمحیط‌ها) از طریق تحلیل خوشه‌ای است. در این حالت، انتظار می‌رود که ژنوتیپ‌ها در محیط‌هایی که از همگنی بیش‌تری برخوردار هستند، تعاملات متقاطع نشان ندهند. با این‌حال، این روش ممکن است به از دست رفتن اطلاعات مفید منجر شود.

۳- بهره‌برداری از تعاملات GEI: هدف این روش حفظ پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف از طریق تحلیل و تفسیر تفاوت‌های ژنوتیپی و محیطی است. این رویکرد به محققان این امکان را می‌دهد تا ژنوتیپ‌هایی با عملکرد ثابت را انتخاب و دلایل ایجاد GEI را شناسایی و برای رفع آنها اقدام کنند. هنگامی که علت ناپایداری عملکرد یک ژنوتیپ مشخص شود، می‌توان آن را از طریق روش‌های ژنتیکی بهبود داد یا با فراهم کردن شرایط محیطی مناسب، عملکرد آن را افزایش داد.

یان (Yan, 2016) دو رویکرد عملی برای مواجهه با GEI پیشنهاد کرد که به تکرارپذیری آن بستگی دارد: بهره‌برداری یا اجتناب از آن. او پیشنهاد می‌کند که اگر GEI تکرارپذیر باشد، می‌توان از آن بهره‌برداری کرد، اما اگر GEI تکرارپذیر نباشد، باید از آن اجتناب شود. مراحل بهره‌برداری از GEI شامل سه مرحله است: ۱. شناسایی GEI تکرارپذیر، ۲. تقسیم منطقه هدف به زیرمناطق یا ابرمحیط‌ها بر اساس الگوی GEI تکرارپذیر و ۳. انتخاب ژنوتیپ‌ها در درون ابرمحیط‌ها. در ابرمحیط‌ها باید از GEI اجتناب کرد، زیرا غیرتکرارپذیر است و انتخاب ژنوتیپ باید بر اساس عملکرد بالا و پایداری آن انجام گیرد (Kang, 1993b, 1998; Yan, 2016).

لادو و همکاران (Lado *et al*., 2016) راهکارهای بهره‌برداری از GEI در انتخاب ژنومی (GS) را با استفاده از مدل‌های مخلوط مقایسه کردند. آن‌ها راه‌کارهایی برای پیش‌بینی عملکرد ژنوتیپ‌های جدید از طریق عاریت گرفتن اطلاعات از محیط‌های دیگر و مدل‌سازی ماتریس همبستگی میان محیط‌ها ارائه دادند. هدف این رویکرد کاهش GEI برای پیش‌بینی عملکرد ژنومی در محیط‌های جدید بود. ژنوتیپی که دارای عملکرد ثابتی در بسیاری از

محیط‌ها است، معمولاً مقاومت یا تحمل وسیعی به عوامل زیستی و غیرزیستی که در طول رشد با آن‌ها مواجه شده است، دارد و پیش‌بینی می‌شود که در سایر محیط‌ها نیز عملکرد خوبی داشته باشد. داشتن اطلاعات دقیق‌تر در باره محیط‌های کشت، به‌نژادگران را قادر می‌سازد تا ژنوتیپ‌های مناسب‌تری را برای محیط هدف انتخاب کنند.

مفهوم پایداری

پایداری یکی از مفاهیم پایه‌ای در به‌نژادی گیاهی است که با تحلیل داده‌های برهمکنش ژنوتیپ × محیط (GEI) استنتاج می‌شود (Denis *et al*., 1996). دو مفهوم اصلی از پایداری وجود دارد: ایستا و پویا. مفهوم ایستا به این معناست که یک ژنوتیپ در محیط‌های مختلف ثبات عملکرد دارد و هیچ‌گونه واریانسی بین محیط‌ها وجود ندارد. این بدان معناست که یک ژنوتیپ به سطوح بالای نهاده‌ها (ورودی‌ها) مانند کودها، پاسخ نمی‌دهد. این نوع پایداری یک مفهوم زیستی از پایداری است و برای کشاورزان مفید نیست (Becker, 1981). اما مفهوم پویا به این معناست که ژنوتیپ ثبات عملکرد دارد، اما عملکرد آن در هر محیط مطابق با سطح تخمینی یا پیش‌بینی شده است و میان عملکرد پیش‌بینی شده و عملکرد واقعی تطابق وجود دارد (Becker & Leon, 1988). این نوع پایداری دارای مفهوم زراعی است و بیش‌تر به‌نژادگران از آن برای انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول در آزمایش‌های چندمحیطی (MET) استفاده می‌کنند (Becker, 1981). در این نوع، ژنوتیپ زمانی پایدار در نظر گرفته می‌شود که پاسخ آن به محیط‌ها مشابه میانگین پاسخ تمامی ژنوتیپ‌ها در آزمایش باشد. با این‌حال، باید توجه داشت که هیچ طبقه‌بندی قطعی برای پارامترهای پایداری بر اساس مفاهیم پویا و ایستا وجود ندارد. برای مثال، در حالی‌که در بسیاری از مطالعات، برخی از پارامترهای پایداری به‌دلیل همبستگی با عملکرد به‌عنوان مفهومی پویا در نظر گرفته شده‌اند، همان پارامترها در برخی دیگر از مطالعات به‌عنوان مفهومی ایستا گزارش شده‌اند. بنابراین، مفاهیم پویا و ایستا به ماهیت داده‌ها و محیط‌های آزمایشی بستگی دارند و طبقه‌بندی آن‌ها به‌طور مطلق در یکی از این دو گروه منطقی نخواهد بود (Pour-Aboughadareh *et al*., 2022a).

تنوع محیطی در METها شامل دو جنبه مهم، تنوع مکانی و زمانی است. ثبات عملکرد در مکان‌ها و زمان‌های مختلف، اهداف و مفاهیم مختلفی دارد. برخی از محققان ثبات عملکرد در مکان‌های مختلف را به‌عنوان «سازگاری» و ثبات عملکرد در سال‌های مختلف را «پایداری» در نظر گرفته‌اند (Lin & Binns, 1994). با این حال، لین و بینز (Lin & Binns, 1988a) مفهوم جدیدی از پایداری معرفی کردند که شامل یک جزء پیش‌بینی‌پذیر برای مکان‌ها و یک جزء غیرقابل پیش‌بینی برای سال‌ها است و تأکید کردند که پایداری در طول سال‌ها از اهمیت بیش‌تری برخوردار است. آن‌ها از روش رگرسیونی برای ارزیابی مکان‌ها و محاسبه میانگین مربعات سال‌ها در هر مکان برای هر ژنوتیپ استفاده کردند تا واریانس سال‌ها را بسنجند. پایداری در طول سال‌ها از دید کشاورزان نیز حائز اهمیت است، در حالی‌که پایداری مکانی برای شرکت‌های بذر و به‌نژادگران مفید است (Yan & Kang, 2002). انتظار می‌رود که شاخص‌های تجزیه پایداری مبتنی بر این نوع پایداری، ژنتیکی (وراثت‌پذیر) باشند و برای گزینش و به‌نژادی ژنوتیپ‌ها مفید واقع شوند (Dia *et al*., 2016).

به‌نژادی برای پایداری

هدف از به‌نژادی برای پایداری، توسعه رقم‌های جدید سازگار با محیط‌های متنوع (سازگاری گسترده) و دارای عملکرد قابل اطمینان و با ثبات است که این امر مستلزم اجرای آزمایش‌های چندمحیطی (METs) است. منحصراً اتکا به میانگین عملکرد در آزمایش‌های انجام شده در ایستگاه‌های تحقیقاتی برای پیش‌بینی عملکرد در مزارع زارعین کافی نیست. علاوه بر این، بررسی GEI اطلاعات مهمی در باره عملکرد گیاه تحت شرایط مختلف فراهم می‌کند و می‌تواند در انتخاب ژنوتیپ‌های با سازگاری گسترده (عملکرد خوب در محیط‌های متعدد) یا سازگاری خاص (عملکرد عالی در یک محیط مشخص) مفید باشد (Studinicki *et al*., 2019).

در مورد وراثت‌پذیری و انتخاب، اگرچه به‌طور معمول تصور می‌شود که وراثت‌پذیری در محیط‌های ایده‌آل بالاتر است، اما سینگ و سکارلی (Singh & Ceccarelli, 1995) نشان دادند که هیچ ارتباطی بین میزان عملکرد و وراثت‌پذیری وجود ندارد. انتخاب برای عملکرد بالا در شرایط ایده‌آل، ممکن است در محیط‌های چالش‌برانگیز موفقیتی در پی نداشته نباشد و حتی انتخاب برای تحمل به تنش ممکن است با کاهش عملکرد در شرایط مطلوب

همراه باشد. برای افزایش قابلیت اعتماد، ارزیابی پایداری باید در تعداد زیادی از محیط‌ها (بیش از ده محیط) انجام شود. اطلاعات مربوط به پایداری معمولاً در مراحل پایانی برنامه‌های به‌نژادی، زمانی که آزمایش‌های تکراردار صورت می‌گیرد، به‌دست می‌آید. یک به‌نژادگر، رقم‌ها یا لاین‌ها را به‌مدت ۱۰ تا ۱۵ سال، ارزیابی و رقم پایدار را شناسایی می‌کند. سپس، می‌تواند با دورگ‌گیری بین پایدارترین رقم‌ها، منابع ژنتیکی لازم برای توسعه لاین‌های خالص یا اینبرد را ایجاد کند. روند ارزیابی سازگاری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف باید به‌گونه‌ای باشد که طی سال‌ها قابل پیش‌بینی و تکرارپذیر باشد. بنابراین، برای به‌نژادی مؤثر گیاه، مطالعات گسترده در طول سال‌ها ضروری است (Alipour *et al*., 2019; Macholdt *et al*., 2019). برای بهبود پایداری در توسعه رقم‌های گیاهی جدید، استفاده از ترکیب‌های مختلف مقاومت و تحمل به عوامل تنش‌زا در ذخایر ژنتیکی ضروری است. اگر هر ژنوتیپ (رقم) بتواند در برابر تمامی تنش‌های اصلی موجود در محیط‌های هدف به‌طور یکسان مقاومت یا تحمل نشان دهد، اثرات GEI کاهش خواهد یافت. از سوی دیگر، اگر ژنوتیپ‌ها سطوح متفاوتی از مقاومت را نشان دهند (گروه ناهمگن) و بتوان محیط‌های هدف را تا حد ممکن همگن کرد، باز هم GEI کاهش می‌یابد. با توجه به عدم کنترل بر شرایط غیرقابل پیش‌بینی محیطی از سالی به سال دیگر، بهترین رویکرد همان استفاده از ترکیب‌های مقاومت است (Kang, 2020). به‌طور خلاصه، یک برنامه به‌نژادی موفق باید فراتر از بهینه‌سازی عملکرد در شرایط ایده‌آل باشد و روی آزمایش‌های چندمحیطی، درک و بهره‌برداری از GEI و توسعه رقم‌های پایدار و قابل‌اطمینان با سازگاری گسترده و خاص تمرکز کند (شکل ۱).

روش‌های آماری در تجزیه پایداری

برای تجزیه و تفسیر تعامل ژنوتیپ و محیط (GEI) در شرایط مختلف، مدل‌ها و رویکردهای آماری متنوعی پیشنهاد شده‌اند که به‌طور کلی می‌توان آن‌ها را به دو دسته اصلی شامل پارامتری (تک‌متغیره و چندمتغیره) و ناپارامتری تقسیم کرد. روش‌های تک‌متغیره پارامتری معمولاً بر مبنای تجزیه واریانس یا رگرسیون هستند (Farshadfar *et al*., 2012; Pour-Aboughadareh *et al*., 2022b). اگرچه نحوه محاسبات و کاربرد روش‌های تک‌متغیره به‌طور کلی ساده‌تر است، اما این روش‌ها قادر به ارائه تفسیر دقیق و کامل از ماهیت پیچیده و چندبُعدی تعاملات GEI نیستند. به‌همین دلیل، استفاده از روش‌های چندمتغیره به‌منظور رفع این محدودیت‌ها توصیه شده است (Gauch, 1992; Moreno-Gonzalez *et al*., 2004) (شکل ۲).

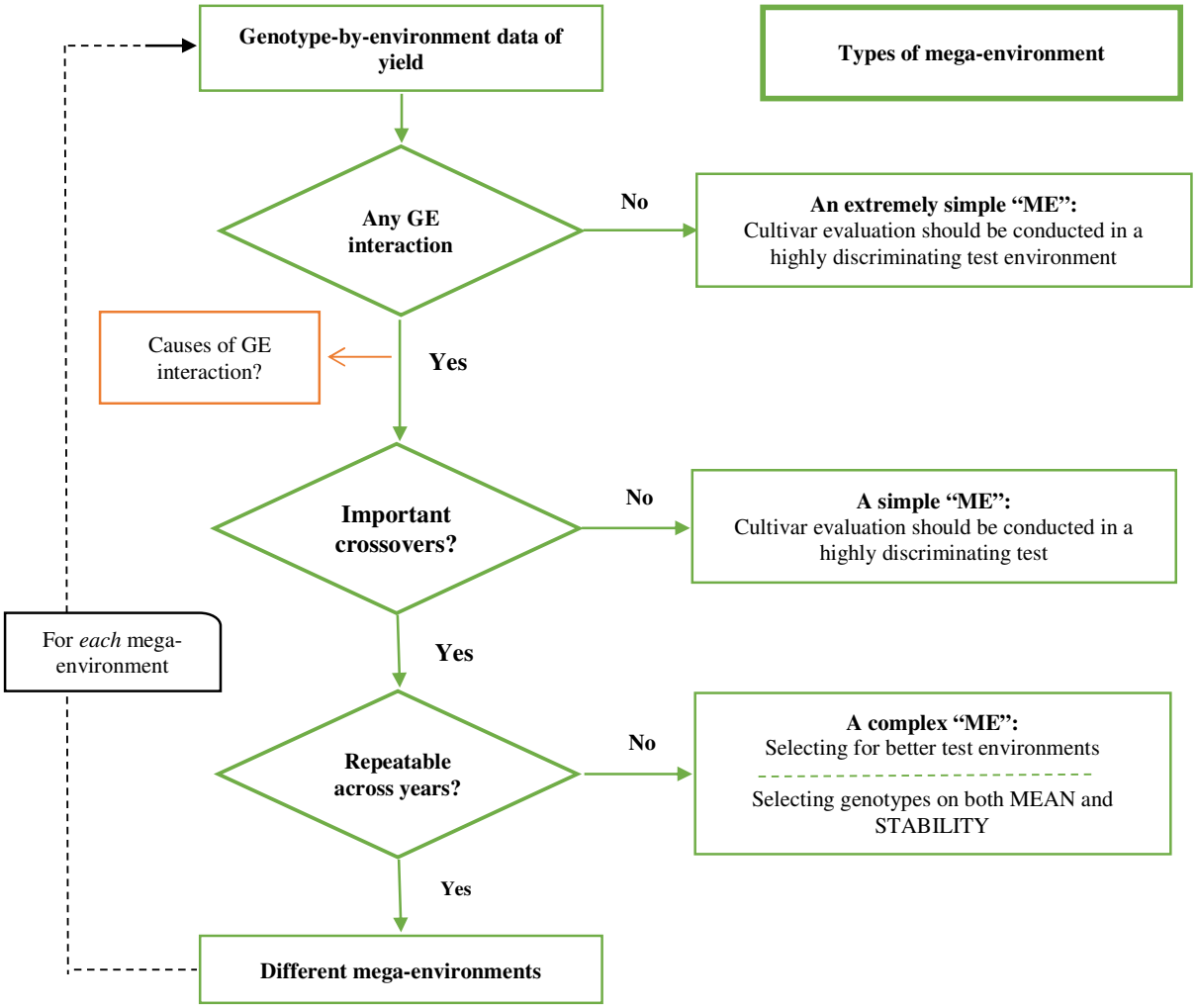
در روش‌های پارامتری، فرض بر این است که توزیع احتمال متغیر تصادفی مورد مطالعه در جامعه مورد نظر مشخص و شناخته شده است. به‌عبارت دیگر، زمانی که توزیع متغیرهای مورد مطالعه شناخته شده باشد، می‌توان پارامترهای جامعه مانند میانگین، واریانس، انحراف معیار و دامنه تغییرات را برآورد کرد (Karimizadeh *et al*., 2021). یکی از معایب اصلی این روش‌ها این است که نیاز به مفروضات خاصی مانند نرمال بودن توزیع خطاها، همگنی واریانس خطاها، جمع‌پذیر بودن اثرات اصلی و عدم وجود داده‌های پرت دارند. در صورتی که این مفروضات رعایت نشوند، نتایج حاصل از این روش‌ها فاقد اعتبار آماری خواهند بود و نمی‌توان آن‌ها را برای همه نوع داده‌ها به‌کار برد (Karimizadeh *et al*., 2021). قابل ذکر است که در صورتی که اندازه نمونه مورد مطالعه کوچک باشد، استفاده از آماره‌های پارامتری در مقایسه با ناپارامتری مناسب‌تر است، اما در صورت بزرگ بودن اندازه نمونه، کارایی هر دو نوع آماره برابر خواهد بود (Flores *et al*., 1998; Raiger & Prabhakaran, 2001). بنابراین، در مواردی که داده‌های اصلی توزیع نرمال ندارند، بهتر است از روش‌های ناپارامتری برای ارزیابی پایداری رقم‌ها استفاده شود.

روش‌های ناپارامتری تجزیه پایداری

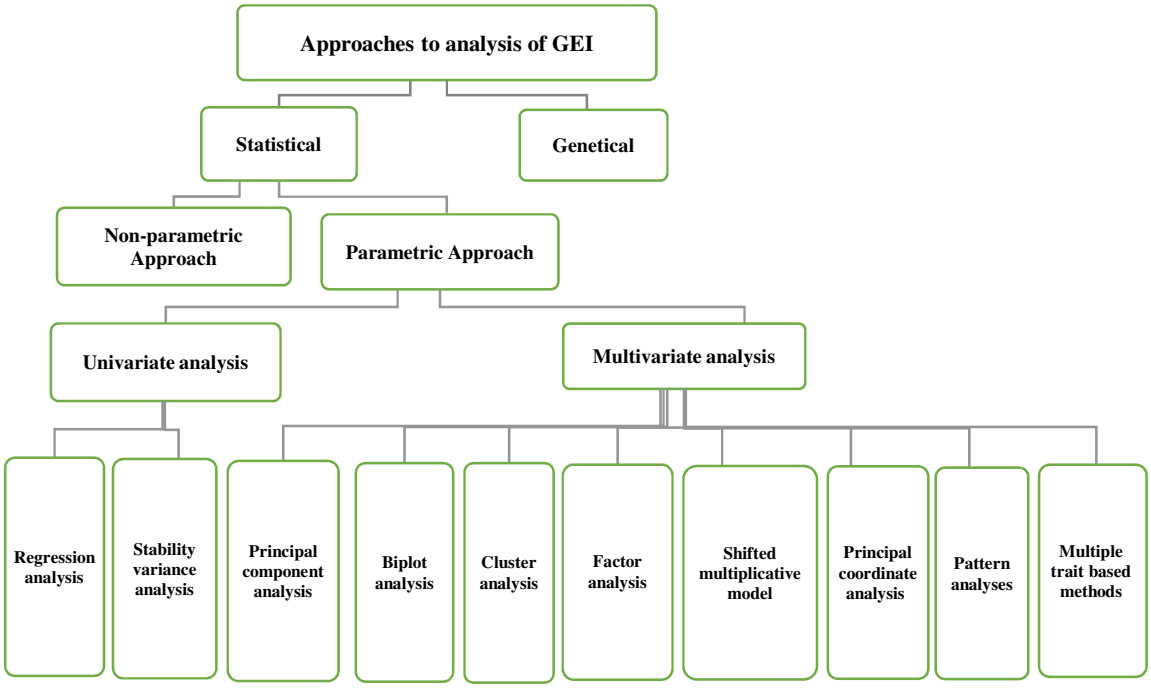
استفاده از معیارهای ناپارامتری در ارزیابی پایداری عملکرد رقم‌های زراعی به‌طور کامل توجیه‌پذیر است. مزیت‌های اصلی این معیارها عبارت‌اند از: (۱) وابسته به هیچ فرضی در مورد توزیع مقادیر مشاهده شده (به‌عنوان نمونه، توزیع نرمال) نیستند، (۲) حساسیت به یکنواختی واریانس خطاها یا داده‌های پرت نسبت به معیارهای پارامتری به مراتب کم‌تر است، (۳) اضافه یا حذف یک یا چند ژنوتیپ باعث ایجاد تغییر در معیارهای ناپارامتری نمی‌شود، (۴) عموماً به‌نژادگران نگران تعامل متقاطع هستند و برآورد پایداری مبتنی بر اطلاعات رتبه‌ای به‌نظر مرتبط‌تر می‌آید و (۵) این معیارها به‌ویژه وقتی بسیار مفید هستند که معیارهای پارامتری به‌دلیل وجود تعامل

ژنتیکی-محیطی غیرخطی بزرگ ناکام می‌مانند. معیارهای ناپارامتری به‌طور گسترده در انتخاب رقم‌های زراعی به‌ویژه زمانی که هدف اصلی تعامل متقاطع است، به‌کار رفته‌اند (Nassar *et al*., 1994; Thennarasu, 1995; Huehn, 1996; Raiger & Prabhakaran, 2000, 2001).

در بسیاری از روش‌های ناپارامتری، ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف رتبه‌بندی می‌شوند و ژنوتیپ‌هایی که در محیط‌های مختلف رتبه مشابهی دارند، به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار در نظر گرفته می‌شوند. روش‌های ناپارامتری مختلفی برای تفسیر تعامل ژنوتیپ × محیط (GEI) استفاده شده‌اند. مجموع رتبه کانگ (Kang, 1988) یکی از آماره‌های پایداری ناپارامتری است که در آن هم عملکرد و هم واریانس پایداری شوکلا (Shukla, 1972) به‌عنوان معیارهای انتخاب استفاده می‌شود. این آماره به عملکرد و پایداری وزنه یکسانی می‌دهد و امکان شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار را فراهم می‌کند. به ژنوتیپی که بالاترین عملکرد را دارد، رتبه یک و به ژنوتیپی که کم‌ترین واریانس پایداری را دارد، رتبه یک اختصاص می‌یابد. پس از رتبه‌بندی همه ژنوتیپ‌ها، جمع رتبه‌های عملکرد و واریانس پایداری هر ژنوتیپ محاسبه و ژنوتیپی که کم‌ترین مجموع رتبه (RS) را دارد، به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ انتخاب می‌شود.



شکل ۱- طرحی از تجزیه و تحلیل داده‌های آزمایش‌های چندمحیطی
Figure 1. A scheme of multi-environment trials data analysis



شکل ۲- روش‌های تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط (GEI)

Figure 2. Approaches to analysis of genotype × environment interaction (GEI)

نسار و هان (Nassar & Huhn, 1987) و هان (Huehn, 1990a, 1990b)، چهار آماره ناپارامتری را برای پایداری فنوتیپی پیشنهاد کردند: $S_i^{(1)}$ میانگین تفاوت‌های مطلق در رتبه‌های یک ژنوتیپ در تمامی محیط‌ها، $S_i^{(2)}$ واریانس بین رتبه‌ها در تمامی محیط‌ها و $S_i^{(3)}$ و $S_i^{(6)}$ به‌ترتیب مجموع انحراف مطلق و مجموع مربعات رتبه‌ها برای هر ژنوتیپ نسبت به میانگین رتبه‌ها. با استفاده از این شاخص‌ها، که از ایده هموستازی به‌عنوان معیاری برای پایداری استفاده می‌کنند، ژنوتیپی به‌عنوان پایدار تلقی می‌شود که رتبه‌های آن در شرایط مختلف، مشابه و واریانس آن حداقل باشد. ثناراسو (Thennarasu, 1995) آماره‌های ناپارامتری $NPI^{(1)}$، $NPI^{(2)}$، $NPI^{(3)}$ و $NPI^{(4)}$ را که بر اساس رتبه‌ها یا رده‌های میانگین تعدیل شده ژنوتیپ‌ها در هر محیط است، به‌عنوان معیاری برای سنجش پایداری پیشنهاد کرد.

فاکس و همکاران (Fox *et al*., 1990) معیار بهترین رتبه فاکس را برای سازگاری عمومی پیشنهاد کردند. این روش یک رویکرد رتبه‌بندی طبقه‌ای است که در آن ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد خود در هر محیط در یکی از سه گروه LOW (پایین)، MID (وسط) و TOP (بالا) قرار می‌گیرند. برای هر ژنوتیپ، نسبت محیط‌هایی که در هر یک از این گروه‌ها قرار می‌گیرد، محاسبه می‌شود تا معیارهای ناپارامتری مشخص شوند. در این میان، ژنوتیپی که بیش‌ترین تعداد رتبه‌های بالا را در گروه TOP کسب کند، به‌عنوان ژنوتیپی با سازگاری و عملکرد عالی در محیط‌های مختلف شناخته می‌شود.

شاخص ثبات عملکرد که به آماره عملکرد- پایداری (YS) نیز مشهور است، توسط کانگ در سال ۱۹۹۳ معرفی شد (Kang, 1993a). طبق این روش، ژنوتیپ‌ها از بیش‌ترین به کم‌ترین عملکرد مرتب و رتبه عملکرد آن‌ها مشخص می‌شود، به‌طوری که به کم‌ترین عملکرد رتبه یک تعلق می‌گیرد (رتبه عملکرد، Y'). در گام بعدی، رتبه عملکرد (Y') بر اساس آزمون LSD تصحیح می‌شود و رتبه تصحیح‌شده عملکرد (Y'_{Adj}) به‌دست می‌آید، به این صورت که برای میانگین عملکرد بیش‌تر از میانگین کل رتبه ۱ ($Y'_{Adj} = Y'+1$)، برای میانگین عملکرد بزرگ‌تر

یا مساوی 1LSD و 2LSD به‌ترتیب رتبه ۲+ و ۳+، برای میانگین عملکرد کم‌تر از میانگین کل رتبه ۱- و برای میانگین عملکرد کوچک‌تر یا مساوی 1LSD و 2LSD به‌ترتیب رتبه ۲- و رتبه ۳- در نظر می گیرند. از جمع دو رتبه برای هر ژنوتیپ ($Y'_{Adj} + Y'$) رتبه تصحیح‌شده برای عملکرد هر ژنوتیپ به‌دست می‌آید (Y_{Adj}). علاوه بر این، ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری نیز بر مبنای واریانس پایداری شوکلا (σ_i^2) رتبه‌بندی می‌شوند، به این ترتیب که برای σ_i^2 غیرمعنی‌دار ($P>0.1$) رتبه صفر و برای σ_i^2 معنی‌دار در سطوح احتمال ۱۰ ($P<0.1$)، پنج ($P<0.05$) و یک درصد ($P<0.01$) به‌ترتیب رتبه ۲- ، ۴- و ۸- ثبت می‌شود. معنی‌دار شدن σ_i^2 بیانگر این است که عملکرد ژنوتیپ در محیط‌های متفاوت پایدار نیست. دلیل استفاده از مقادیر پایداری ۲- ، ۴- و ۸- این است که آن‌ها رتبه ژنوتیپ‌ها را فقط بر اساس عملکرد (Y') تغییر می‌دهند. از جمع رتبه‌های عملکرد و پایداری برای هر ژنوتیپ، آماره YS_i تعیین می‌شود. بر اساس این آماره، بهنژادگران ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و در عین حال پایدار در محیط‌های مختلف را شناسایی می‌کنند، زیرا این شاخص همزمان پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها را بررسی می‌کند.

نحوه محاسبه برخی از معیارهای پایداری ناپارامتری در جدول (۱) ارائه شده است.

جدول ۱- برخی از آماره‌های پایداری ناپارامتری بر اساس کاربرد آن‌ها

Table 1. Some of the non-parametric stability statistics according to their utility

Statistics that measure only stability †		
$s^{(1)} = 2\sum_{j}^{n-1}\frac{\sum_{j=j+1}^{n-1}\lvert r_{ij} - \acute{r}_{ij}\rvert}{[N(N-1)]}$	$s^{(3)} = \frac{\sum_{j=1}^{n}(r_{ij} - \bar{r}_{i.})^2}{\bar{r}_{i.}}$	$NP^{(1)} = \frac{1}{N}\sum_{j=1}^{n}\lvert r_{ij}^{*} - M_{di}^{*}\rvert$
Statistics estimating the combination of performance and stability †		
$s^{(4)} = \frac{\sum_{j=1}^{n}(r_{ij} - \bar{r}_{i.})^2}{(N-1)}$	$s^{(6)} = \frac{\sum_{j=1}^{n}\lvert r_{ij} - \bar{r}_{i.}\rvert}{\bar{r}_{i.}}$	$NP^{(2)} = \frac{1}{N}\left[\sum_{j=1}^{n}\lvert r_{ij}^{*} - M_{di}^{*}\rvert / M_{di}\right]$
$NP^{(3)} = \frac{\sqrt{\frac{\sum_{j=1}^{n}(r_{ij}^{*} - \bar{r}_{i.}^{*})^2}{N}}}{\bar{r}_{i.}}$	$NP^{(4)} = \frac{2}{N(N-1)}\left[\sum_{j=1}^{n-1}\sum_{j=j+1}^{n}\lvert r_{ij}^{*} - r_{ij}^{*}\rvert / \bar{r}_{i.}\right]$	Kang's total ranking statistics TOP-Fox ranking

† r_{ij}, Rank of the i th genotype in the j th environment; $\bar{r}_{ij}$, average ranks across all environments for each genotype; $\acute{r}_{ij}$, rank of the i th genotype in the j th environment based on the modified phenotypic values (i.e. $Y_{ij} - \bar{Y}_{i.}$), where Y_{ij} is the phenotypic values of the rank of the i th genotype in the j th environment and $\bar{Y}_{i.}$ is the average yield of the i th genotype; $\bar{r}_{i.}$ and M_{di} as well as $\bar{r}_{i.}^{*}$ and M_{di}^{*}, average and median of the ranks based on uncorrected and corrected r_{ij} values, respectively; N, the number of experimental environments (Paul *et al*., 2016).

روش‌های پارامتری تک‌متغیره

روش‌های مبتنی بر مدل‌های رگرسیونی

کوکران و یتز (Yates & Cochran, 1938) اولین کسانی بودند که از روش رگرسیون خطی برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار در روش‌های تک‌متغیره مبتنی بر تجزیه رگرسیون استفاده کردند. سپس، این روش توسط فینلی و ویلکینسون (Finlay & Wilkinson, 1963) و ابرهارت و راسل (Eberhart & Russell, 1966) اصلاح و مورد استفاده قرار گرفت. در ادامه، پارامترهای دیگری مشابه با روش‌هایی که توسط یتز و کوکران و همچنین فینلی و ویلکینسون ارایه شده بود، توسط پرکینز و جینکز (Perkins & Jinks, 1968) معرفی شدند. در سال ۱۹۷۰، پارامتر پایداری ژنوتیپی توسط هانسون (Hanson, 1970) بر اساس رگرسیون ارائه شد، اما استقبال خوبی از آن نشد. همچنین، هرناندز و همکاران (Hernandez *et al*., 1993) روش شاخص برتری را پیشنهاد دادند که بر اساس آن هم عملکرد و هم ضریب رگرسیون ژنوتیپ در محاسبات مورد توجه قرار می‌گیرد.

مدل پرکینز و جینکز

از میان تحلیل‌های مختلف رگرسیون، ابتدا تحلیل پرکینز و جینکز ارائه و سپس ارتباط آن با سایر تحلیل‌ها بررسی می‌شود. پرکینز و جینکز (Perkins & Jinks, 1968) برای تجزیه پایداری مدل زیر را پیشنهاد کردند:

$$Y_{ij} = \mu + d_i + e_j(1 + \beta_i) + \delta_{ij} + e_{ij} \quad (۱)$$

که در آن، Y_{ij} متوسط عملکرد ژنوتیپ iام در محیط jام، $\mu + d_i$ برابر با میانگین عملکرد و $(1 + \beta_i)e_j + \delta_{ij}$ برابر با حساسیت محیطی است.

مدل پرکینز و جینکز از یک مدل خطی عمومی به صورت زیر توسعه یافته است:

$$Y_{ij} = \mu + d_i + e_j + g_{ij} + e_{ijk} \quad (۲)$$

که در آن، μ میانگین کل و برابر با ($\mu = \frac{Y_{..}}{st}$)، d_i اثر افزایشی ژنوتیپ iام ($d_i = \frac{Y_{i.}}{s} - \mu$)، e_j اثر افزایشی محیط jام ($e_j = \frac{Y_{.j}}{t} - \mu$)، g_{ij} برهمکنش ژنوتیپ×محیط ($g_{ij} = Y_{ij} - m - d_i - e_j$) و e_{ij} خطای مربوط به هر مشاهده است. تعداد ژنوتیپ‌ها برابر با $i = 1, ..., s$، تعداد محیط‌ها $j = 1, ..., t$ و تعداد تکرارها $k = 1, ..., r$ است (Perkins & Jinks, 1968).

این محققین مدل تعدیل‌یافته زیر را نیز تعریف کردند:

$$g_{ij} = \beta_i e_j + \delta_{ij} \quad (۳)$$

که در آن، β_i ضریب رگرسیون خطی ژنوتیپ iام و δ_{ij} انحراف یا مؤلفه غیرخطی است وقتی که s ژنوتیپ در t محیط کشت می‌شوند.

در تجزیه واریانس بر اساس این مدل (جدول ۲)، واریانس کل به سه جزء شامل (۱) ژنوتیپی، (۲) محیطی (رگرسیون مشترک) و (۳) ژنوتیپ × محیط تفکیک می‌شود. سپس واریانس برهمکنش ژنوتیپ×محیط خود به دو جزء دیگر شامل الف) ناهمگنی ناشی از رگرسیون (یا غیریکنواختی بین خطوط رگرسیون) و ب) مجموع مربعات باقیمانده تقسیم می‌شود. اگر ناهمگنی میانگین مربعات رگرسیون‌ها یا میانگین مربعات باقی‌مانده یا هر دو معنی‌دار باشند، می‌توان گفت که تعاملات ژنوتیپ×محیط وجود دارد. اگر میانگین مربعات ناهمگنی معنی‌دار باشد، به این معنی است که برخی از βiها به‌طور معنی‌دار مثبت و برخی دیگر به‌طور معنی‌دار منفی هستند، زیرا مجموع βiها برابر با صفر است. اگر میانگین مربعات ناهمگنی به‌تنهایی معنی‌دار باشد، می‌توان عملکرد هر ژنوتیپ در محیط‌های مختلف را با توجه به خطای نمونه‌برداری پیش‌بینی کرد. در صورتی که میانگین مربعات باقی‌مانده به‌تنهایی معنی‌دار باشد، این نشان‌دهنده عدم وجود ارتباط بین تعاملات ژنوتیپ و محیط و مقادیر محیطی است و بنابراین امکان پیش‌بینی وجود ندارد. اگر هر دو میانگین مربعات (ناهمگنی و باقی‌مانده) معنی‌دار باشند، ارزش عملی پیش‌بینی‌ها به اندازه‌های نسبی این دو میانگین مربعات بستگی خواهد داشت، به‌طوری که اگر میانگین مربعات ناهمگنی بزرگ‌تر از میانگین مربعات باقی‌مانده باشد، پیش‌بینی‌های مربوط به تعاملات ژنوتیپ و محیط بر مبنای رگرسیون خطی هنوز هم ارزشمند خواهند بود. معنی‌دار نبودن میانگین مربعات ناهمگنی به این معنی نیست که رگرسیون ($di + g_{ij}$) روی e_j برای برخی از ژنوتیپ‌ها به‌طور فردی ممکن نیست، زیرا ممکن است این رگرسیون در برابر میانگین مربعات باقی‌مانده معنی‌دار باشد و در نتیجه بتوان برای این ژنوتیپ‌های خاص، پیش‌بینی‌هایی انجام داد.

جدول ۲- تجزیه واریانس پایداری بر اساس مدل پرکینز و جینکز

Table 2. Analysis of variance for stability based on Perkins & Jinks (1968) model

Source of variation	df	Mean square
Genotype	s-1	$\frac{\sum d_i^2}{S-1}$
Environment (Joint regression)	t-1	$\frac{S\sum_{j=1}^{t} e_j^2}{t-1}$
Genotype Environment interaction	(s-1)(t-1)	
Non-uniformity between regression lines	s-1	$\frac{\sum_{i=1}^{s} \beta_i^2 + \sum_{j=1}^{t} e_j^2}{S-1}$
Residual	(s-1)(t-2)	$\frac{\sum_{i=1}^{s}\sum_{j=1}^{t} \delta_{ij}^2}{(S-1)(t-1)}$
Error	st(r-1)	σ^2_e

در این تحلیل، می‌توان یک تجزیه واریانس با اجزایی شامل رگرسیون مشترک، ناهمگونی رگرسیون و باقی‌مانده ایجاد کرد. میانگین مربعات معنی‌دار رگرسیون مشترک نشان‌دهنده این است که مقدار βi صفر نیست. بر اساس این مدل، یک ژنوتیپ با حساسیت متوسط مقدار βi برابر با صفر خواهد داشت و هیچ تعامل ژنوتیپ- محیطی را نشان نمی‌دهد. یک ژنوتیپ با βi بزرگ‌تر از صفر به‌طور غیرعادی به تغییرات محیطی حساس است و چنین ژنوتیپی ممکن است نامطلوب باشد، زیرا عملکرد آن در محیط‌های مختلف نوسانات زیادی دارد. با این‌حال، این ژنوتیپ ممکن است در شرایط بهینه مفید واقع شود. در نهایت، یک ژنوتیپ با مقدار βi منفی، به‌ویژه زمانی که βi برابر با ۱- باشد، نسبت به تغییرات محیطی بی‌تفاوت و در واقع یک ژنوتیپ مطلوب است، زیرا عملکرد آن در شرایط مختلف از جمله در محیط‌های ضعیف‌تر، حفظ می‌شود. کارایی تحلیل رگرسیون مشترک در ارزیابی تعاملات ژنوتیپ- محیط با نسبت واریانس خطی محاسبه شده توسط رگرسیون خطی سنجیده می‌شود (Fripp & Caten, 1971).

فینلی و ویلکینسون

فینلی و ویلکینسون (Finlay & Wilkinson, 1963) رویکردی تحلیلی برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در برابر شرایط محیطی مختلف ارائه دادند که بر اساس میانگین‌های محیطی، عملکرد ژنوتیپ‌ها را مورد بررسی قرار می‌دهد. در این روش، میانگین عملکرد تمامی ژنوتیپ‌ها در تمام محیط‌ها به‌عنوان یک شاخص محیطی تعریف و سپس رگرسیون بین عملکرد هر ژنوتیپ در برابر این شاخص برازش می‌شود. بر خلاف روش‌هایی که جداگانه تعاملات هر ژنوتیپ با هر محیط را مورد بررسی قرار می‌دهند، این رویکرد به تحلیل کلی‌تری توجه دارد و به‌دلیل سادگی و کارایی آن، توجه محققان زیادی را جلب کرده است (Piepho & Blancon, 2023). تجزیه و تحلیل بر اساس رویکرد فینلی و ویلکینسون در دو مرحله انجام می‌شود: ابتدا تجزیه واریانس داده‌های خام برای آزمون معنی‌داری اثرات ژنوتیپ، محیط و برهمکنش ژنوتیپ × محیط انجام و سپس در صورت معنی‌دار بودن برهمکنش ژنوتیپ × محیط، این اثر به اجزای رگرسیون و انحراف از رگرسیون تجزیه می‌شود. پارامتر پایداری فنوتیپی برای هر ژنوتیپ به‌صورت زیر محاسبه شود:

$$b_i = \frac{\mathrm{Cov}(\bar{g}_{ij}, \bar{y}_j)}{\mathrm{Var}(\bar{y}_j)} = \frac{\sum_i^g \sum_j^e x_{ij} \times \bar{y}_j}{\sum_j^e \bar{y}_j^2} \quad (۴)$$

که در آن، ($\bar{y}_j$) میانگین محیط به‌عنوان متغیر مستقل و ($\bar{g}_{ij}$) میانگین ژنوتیپ‌ها در هر محیط به‌عنوان متغیر وابسته است.

فینلی و ویلکینسون (Finlay & Wilkinson, 1963) پایداری ژنوتیپ‌ها را بر اساس مقادیر ضریب رگرسیون (b) به چهار گروه تقسیم کردند: b=1 پایداری متوسط، b>1 پایداری کم‌تر از متوسط، b<1 پایداری بیش‌تر از متوسط و b=0 پایداری مطلق. این دسته‌بندی‌ها می‌توانند با عملکرد بالا یا پایین مرتبط باشند. به‌طور کلی، b و عملکرد معمولاً همبستگی مثبت دارند (Eberhart & Russell, 1966). عملکرد بالا و b=1 برای یک ژنوتیپ نشان‌دهنده سازگاری عمومی است. با این‌حال، اگر عملکرد آن پایین باشد، نشان‌دهنده سازگاری ضعیف آن با محیط‌های مختلف است. از سوی دیگر، b>1 نشان‌دهنده حساسیت بیش‌تر ژنوتیپ به تغییرات محیطی و سازگاری بیش‌تر با محیط‌های با عملکرد بالا است، در حالی‌که b<1 نشان‌دهنده حساسیت کم‌تر به تغییرات محیطی و سازگاری بیش‌تر با محیط‌های با عملکرد پایین هستند.

یکی از چالش‌های اصلی در استفاده از این روش، نیاز به فرضیات خاصی مانند استقلال باقیمانده‌ها و یکنواختی واریانس است که ممکن است در داده‌های واقعی برقرار نباشد. بنابراین، ممکن است لازم باشد این روش با استفاده از مدل‌های خطی مخلوط گسترش یابد تا بتوان به تحلیل دقیق‌تری از داده‌های نامتعادل دست یافت (Piepho & Blancon, 2023).

ابرهارت و راسل

در این روش، مجموع مربعات مربوط به محیط و تعامل ژنوتیپ × محیط ترکیب و به چهار مؤلفه زیر تقسیم می‌شود: (۱) مؤلفه خطی بین محیط‌ها (محیط خطی) با یک درجه آزادی، (۲) مؤلفه خطی تعامل ژنوتیپ × محیط (ژنوتیپ × محیط خطی) با (t-1) درجه آزادی، (۳) انحراف از رگرسیون برای هر یک از S ژنوتیپ با (t-2) درجه آزادی و (۴) انحراف تجمعی (جدول ۳). آن‌ها با استفاده از ضریب رگرسیون و واریانس انحراف از مدل خطی، برآوردی از پاسخ ژنوتیپ‌ها به تغییرات محیطی پیشنهاد کردند. مدل تجزیه به صورت زیر است:

$$Y_{ij} = m + B_i I_j + \delta_{ij} \quad (۵)$$

که در آن، Y_{ij} میانگین ژنوتیپ iام در محیط jام، m_i میانگین ژنوتیپ iام در تمام محیط‌ها، β_i ضریب رگرسیون ژنوتیپ iام، I_j شاخص محیطی و d_{ij} انحراف از رگرسیون است. شاخص محیطی (I_j) به‌عنوان میانگین همه ژنوتیپ‌ها در محیط jام منهای میانگین کل برابر است با:

$$I_j = \frac{\sum_j Y_{ij}}{s} - \frac{\sum_i \sum_j Y_{ij}}{ts}; \sum_j I_j = 0 \qquad (۶)$$

ضریب رگرسیون (b) و واریانس انحراف از رگرسیون ($\bar{S}^2_{d_i}$) نیز به‌صورت زیر محاسبه می‌شوند:

$$b_i = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2} \qquad (۷)$$

$$\bar{S}^2_{d_i} = \frac{\sum_j \delta^2_{ij}}{s-2} - \frac{S^2_e}{r} \qquad (۸)$$

که در آن، $\frac{S^2_e}{r}$ تخمین خطای تجمعی یا واریانس میانگین یک ژنوتیپ در محیط j ام است. خطای استاندارد ضریب رگرسیون نیز SE(b) برابر است با:

$$SE(b) = \sqrt{\frac{\sum_j \delta^2_{ij}/s-2}{\sum_j I^2_\alpha}} \qquad (۹)$$

جدول ۳- جدول تجزیه واریانس پایداری به‌روش ابرهارت و راسل (Eberhart & Russell, 1966)

Table 3. Analysis of variance for stability based on the Eberhart & Russell (1966) method

Source of variation	df	Sum of square	Mean square
Total	s t-1	$\sum\sum Y_{ij}^2 - CF$	
Genotype	s-1	$\frac{\sum Y_{i\cdot}^2}{t} - CF$	MS1
Environmenr + (Genotype × Environment)	s (t-1)	$\sum\sum Y_{ij}^2 - \frac{Y_{i\cdot}^2}{t}$	
Environment (Linear)	1	$\frac{(\sum Y_{ij} I_j)^2 / s}{\sum I_j^2}$	
Genotype × Environment (Linear)	s-1	$\sum\left[\frac{(\sum Y_{ij} I_j)^2}{\sum I_j^2}\right] - \left[\left(\frac{(\sum Y_{ij} I_j)^2}{s}\right) / \left(\sum I_j^2\right)\right]$	MS2
Pooled deviations	s (t-2)	$\sum\sum \delta_{ij}^2$	MS3
Genotype 1	t-2	$\left[\sum Y_{ij}^2 - \frac{Y_{i\cdot}^2}{t}\right] - \left[\frac{(\sum Y_{ij} I_j)^2}{\sum I_j^2}\right]$	
Genotype 2	t-2		
⋮	⋮		
Genotype S	t-2		
Pooled error	t (r-1)(s-1)		MS4

میانگین مربعات ژنوتیپ×محیط (خطی) (MS_2) وقتی که در برابر میانگین مربعات انحرافات تجمعی (MS_3) آزمون می‌شود، نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌ها در رگرسیون خود نسبت به شاخص محیطی تفاوت دارند. همچنین، اهمیت انحرافات از رگرسیون برای هر ژنوتیپ در برابر خطای تجمعی آزمون می‌شود (جدول ۳). فریمن و پرکینز (Freeman & Perkins, 1971) به این نکته اشاره کردند که مجموع مربعات برای مؤلفه خطی بین محیط (محیط خطی) با یک درجه آزادی، همانند مجموع کل مربعات برای محیط‌ها با (t -1) درجه آزادی است و این موضوع قابل سوال است.

در روش ابرهارت-راسل، ژنوتیپی با b=1 و $\bar{S}^2_{d_i} = 0$ پایدار است. بریس و متر (Breese & Mather, 19609) به‌شدت بر اهمیت پارامتر دوم یعنی انحراف از رگرسیون تأکید و پیشنهاد کردند که این پارامتر باید برای اندازه‌گیری ناپایداری‌های غیرقابل پیش‌بینی که با میانگین مربعات انحراف از رگرسیون مرتبط است، استفاده شود. ویتکامب و ویتینگتون (Witcombe & Whittington,

1971) بیان داشتند که این ناپایداری‌ها تنها زمانی قابل پیش‌بینی هستند که تغییرات محیطی که در تحلیل در نظر گرفته نشده‌اند، شناخته شوند. بنابراین، استفاده از میانگین مربعات باقی‌مانده به‌عنوان معیاری برای پایداری در شرایط خاص ممکن است معتبر نباشد. به‌عنوان مثال، اگر یک ژنوتیپ مقاوم به بیماری در کنار ژنوتیپ‌های حساس در یک آزمایش چندمحیطی مورد بررسی قرار گیرد و بیماری رخ دهد، ممکن است مقدار $S^2_{d_i}$ برای ژنوتیپ مقاوم بزرگ و معنی‌دار شود، حتی اگر این ژنوتیپ واقعاً پایدار باشد. اما در مورد انحراف معیار میانگین (که در ادامه بحث خواهد شد)، ژنوتیپ مقاوم ممکن است انحراف معیار کم‌تری داشته باشد. همچنین، ابرهارت و راسل یک ثابت را از میانگین مربعات باقی‌مانده کم کردند تا معیاری از واریانس باقی‌مانده غیرقابل توضیح به‌دست آورند. ارزشی که به این ترتیب به‌دست می‌آید، به‌نام $S^2_{d_i}$ شناخته می‌شود و رابطه‌ای نمونه‌ای با میانگین مربعات باقی‌مانده دارد. علاوه بر این، میانگین مربعات باقی‌مانده مستقل از ضریب رگرسیون نیست.

پارامترهای پایداری ژنوتیپی

تای (Tai, 1971) روشی برای تفکیک تعامل ژنوتیپ × محیط بر اساس اصل ارتباط ساختاری پیشنهاد کرد که مشکل رگرسیون Y بر Xهای غیرمستقل را برطرف می‌کند. اثر تعامل ژنوتیپ × محیط برای ژنوتیپ iام به دو مؤلفه تقسیم می‌شود: αi که پاسخ خطی به اثر محیطی را اندازه‌گیری می‌کند و λi که انحراف از پاسخ خطی از نظر واریانس خطا است. به این پارامترها، پارامترهای پایداری ژنوتیپی گفته می‌شود و به‌صورت زیر برآورد می‌شوند:

$$\alpha i = \frac{MSt}{MSt - MSe}(b-1) \qquad (۱۰)$$

$$\lambda i = \frac{S/(S-1)}{(t-2)(t-1)}\frac{S^2_d}{MSe/P} - \lambda\left(\frac{b-1}{s-1}\right)\frac{MSb}{MSe} \qquad (۱۱)$$

در این روابط، b و S^2_d پارامترهای پایداری فنوتیپی ابرهارت و راسل و MS_t، S_β و MS_e به‌ترتیب میانگین مربعات محیط‌ها، تکرارهای درون محیط‌ها و انحرافات خطا هستند. او بین مؤلفه خطی تعامل و اثرات افزایشی محیط تمایز قائل می‌شود، به‌گونه‌ای که ضرایب رگرسیون او بر خلاف ابرهارت-راسل که میانگینی برابر با یک دارند، همانند پرکینز و جینکز میانگینی برابر با صفر دارند. در حالی‌که ابرهارت و راسل یک برآورد خطای تجمعی را از مؤلفه غیرخطی تعامل کم کردند تا مقداری برابر با S^2_d برای یک رقم پایدار به‌دست آورند، تای مؤلفه غیرخطی تعامل را بر برآورد خطای تجمعی تقسیم کرد تا مقدار معادل پارامتر او برابر با یک شود. بنابراین، یک رقم زمانی پایدار است که α=-1 و λ=1 باشد و یک ژنوتیپ با α=0 و λ=1 به‌عنوان ژنوتیپی با پایداری متوسط در نظر گرفته می‌شود. به‌طور کلی، این روش از تکنیک ابرهارت- راسل استفاده می‌کند، به‌جز اینکه از برآورد حداکثر احتمال یک رابطه ساختاری نیز بهره‌مند می‌شود.

پارامتر مرکب پایداری هانسون

هانسون (Hanson, 1970) برای شرایطی که تعداد ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها کم باشد، یک مقیاس مرکب برای پایداری پیشنهاد کرد که شامل سهم هر ژنوتیپ در واریانس برهمکنش ژنوتیپ × محیط و نحوه واکنش آن به تغییرات محیطی است. مقیاس پایداری هانسون (Di) به انحراف عملکرد پیش‌بینی شده یک ژنوتیپ ($\hat{E}_{ij}$) از عملکرد پایدار آن ژنوتیپ ($\hat{S}_{ij}$) اشاره دارد. مقادیر D_i کم‌تر نشان‌دهنده پایداری بیش‌تر هستند، به‌طوری‌که ژنوتیپی با Di پایین‌تر پایدارتر است. روش برآورد پارامتر هانسون به صورت زیر است:

$$D_i = \sqrt{\sum_j^e Z_{ij}^2} = \sqrt{\sum_j^e (\hat{E}_{ij} - \hat{S}_{ij})^2} \qquad (۱۲)$$

$$\hat{E}_{ij} = \left(x_{ij} + \bar{X} - \bar{g}_i - \bar{Y}_j\right) \qquad (۱۳)$$

$$\hat{S}_{ij} = b_i(\bar{Y}_j - \bar{X}) \qquad (۱۴)$$

در این روابط، x_{ij} میانگین ژنوتیپ iام در محیط jام، $\bar{g}_i$ میانگین کل ژنوتیپ iام در تمامی تکرارها و محیط‌ها، $\bar{Y}_j$ میانگین کل محیط jام در تمامی تکرارها و ژنوتیپ‌ها، $\bar{X}$ میانگین کل آزمایش و b_i ضریب رگرسیون iامین ژنوتیپ روی شاخص محیطی (I_j) است که با روش ابرهارت و راسل محاسبه می‌شود. بنابراین Di به صورت زیر خواهد بود (Farshadfar, 2015):

$$D_i = \sqrt{\sum_j^e \left(x_{ij} + \bar{X} - \bar{g}_i - \bar{Y}_j\right) - b_i(\bar{Y}_j - \bar{X})^2} \qquad (۱۵)$$

ضریب تبیین

پینتوس (Pinthus, 1973) پیشنهاد کرد که به جای میانگین مربعات انحراف از رگرسیون، از ضریب تشخیص (R_i^2) استفاده شود. این ضریب به‌شدت وابسته به میانگین مربعات انحرافات ($S^2_{d_i}$) و نشان‌دهنده پایداری ژنوتیپ است. اگر برازش مدل به‌خوبی انجام نشود، ضریب تشخیص کوچک خواهد بود و این به‌معنای عدم توانایی

مدل در توصیف داده‌ها و پایداری واقعی است. ضریب تشخیص به شکل زیر محاسبه می‌شود:

$$R_i^2 = \frac{b_i^2 \sum_j (\bar{y}_{oj} - \bar{y})^2}{\sum_j (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{io})^2} \quad (۱۶)$$

اگرچه رویکرد رگرسیونی، ابزار مفیدی برای تحلیل داده‌های عملکرد است، اما برخی به محدودیت‌های آماری و زیستی این روش به‌صورت زیر اشاره می‌کنند (Crossa, 1990, Becker & Leon, 1988).

الف- محدودیت‌های آماری

۱- میانگین ژنوتیپ‌ها (متغییر x) مستقل از میانگین کل محیط (متغیر y یا شاخص محیطی) نیست و رگرسیون یک مجموعه از متغیرها روی متغیرهای دیگری که مستقل نیستند، نقص فرضیه تجزیه رگرسیون است، ۲- خطاهای مربوط به شیب‌های خطوط رگرسیون برای ژنوتیپ‌های مختلف، مستقل نیستند. این موضوع تحلیل را پیچیده می‌کند، زیرا تغییرپذیری در یک ژنوتیپ می‌تواند بر دیگری نیز تأثیر بگذارد و جداسازی اثرات آن‌ها را دشوار سازد، ۳- تحلیل فرض می‌کند که رابطه‌ای خطی بین عوامل محیطی و تعاملات ژنوتیپ وجود دارد. اگر این فرض برآورده نشود، نتایج ممکن است کم‌تر قابل اعتماد باشند و به نتیجه‌گیری‌های گمراه کننده منجر شوند، ۴- شاخص محیطی (Ij) که برای ارزیابی عملکرد ژنوتیپ استفاده می‌شود، بر اساس پاسخ متوسط محیط است. این بدان معناست که این شاخص مستقل از متغیر پاسخ واقعی (Y_{ij}) نیست. با این‌حال، این وابستگی با اضافه شدن ژنوتیپ‌های بیش‌تر در تحلیل کاهش می‌یابد، ۵- برآوردهای سوگیری‌شده هنگام برآورد ضرایب رگرسیون، اگر متغیر مستقل دارای خطاهای اندازه‌گیری باشد، می‌تواند منجر به انحراف شود. میزان انحراف بستگی به رابطه بین واریانس محیطی و واریانس باقیمانده دارد و معمولاً با افزایش اثرات محیطی، این سوگیری کاهش می‌یابد، ۶- نقض فرض یکنواختی واریانس‌های محیطی می‌تواند تأثیر قابل توجهی بر نتایج آماری داشته و منجر به نتیجه‌گیری‌های نادرست در باره پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها شود.

ب- محدودیت‌های زیستی

۱- ثبات عملکرد یک ژنوتیپ تنها به شرایط محیطی ویژه محدود نمی‌شود، بلکه تحت تأثیر عملکرد سایر ژنوتیپ‌ها نیز قرار دارد. اگر فقط چند محیط با عملکرد بسیار پایین یا بالا در تحلیل گنجانده شوند، ممکن است نتایج نادرست به‌دست آید، ۲- وجود نقاط افراطی (محیط‌هایی با عملکرد خیلی پایین یا خیلی بالا) می‌تواند بر نتایج تحلیل رگرسیون تأثیر بگذارد. این نقاط می‌توانند باعث شوند که نتایج به‌طور غیرمنصفانه‌ای تحت تأثیر قرار گیرند و منجر به نتیجه‌گیری‌های نادرست در باره پایداری یا عملکرد ژنوتیپ‌ها شوند، ۳- ضریب رگرسیون (bi) که برای ارزیابی عملکرد ژنوتیپ استفاده می‌شود، نشان‌دهنده ثبات نیست، بلکه فقط اطلاعاتی در باره چگونگی واکنش متوسط یک ژنوتیپ به شرایط محیطی ارائه می‌دهد، ۴- دو روش اصلی برای ارزیابی ثبات عملکرد ژنوتیپ‌ها وجود دارد: روش ابرهارت و راسل که پیشنهاد می‌کند داده‌ها به‌صورت لگاریتمی تبدیل شوند، و روش فینلی و ویلیکنسون که در آن از ضرایب رگرسیون و انحرافات برای ارزیابی ثبات و الگوهای پاسخ ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود.

به‌طور خلاصه، اگر کسی به چند ژنوتیپ خاص که به‌طور خاص به محیط‌های با عملکرد بسیار پایین یا بالا سازگار هستند، علاقه‌مند باشد، رگرسیون می‌تواند بسیار مفید باشد و حتی تفاوت‌های کوچک در عملکرد گیاه می‌تواند به‌صورت معنی‌دار دیده شود (Achenef, 2022).

روش‌های مبتنی بر تجزیه واریانس

واریانس محیطی

واریانس محیطی که توسط رومر (Roemer, 1917) معرفی شد، معیاری برای سنجش پایداری فنوتیپی است و با محاسبه انحراف عملکرد هر ژنوتیپ از میانگین آن در محیط‌های مختلف اندازه‌گیری می‌شود. هر چه واریانس محیطی یک ژنوتیپ کم‌تر باشد، پایداری آن بیش‌تر است. برای محاسبه این معیار از رابطه (۱۷) استفاده می‌شود:

$$s_i^2 = \frac{\sum_i (R_{ij} - m_i)^2}{e-1} \quad (۱۷)$$

که در آن، R_{ij} عملکرد ژنوتیپ iام در محیط jام، m_i میانگین عملکرد ژنوتیپ iام در تمام محیط‌ها و e تعداد محیط است.

ضریب تغییرات محیطی

ضریب تغییرات توسط فرانسیس و کاننبرگ (Francis & Kannenberg, 1978) به‌عنوان یک آماره پایداری پارامتری از طریق ترکیب میانگین عملکرد و واریانس محیطی پیشنهاد شد:

$$CV = \frac{SD_X}{\bar{X}} \times 100 \quad (۱۸)$$

که در آن، SD_x انحراف معیار میانگین ژنوتیپ در بین محیط‌ها و $\bar{X}$ میانگین کل است. ژنوتیپ‌هایی که دارای

ضریب تغییرات (CV) و واریانس محیطی کم‌تر و در عین حال میانگین عملکرد بالاتری باشند، به‌عنوان مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها شناخته می‌شوند.

همچنین، با رسم نمودار میانگین عملکرد (محور x) در برابر مقادیر CV (محور y) در محورهای مختصات دو بعدی، می‌توان ژنوتیپ‌های را به چهار گروه مختلف، شامل گروه I ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و تغییرات یا نوسانات کم در محیط‌های مختلف، گروه II ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و تغییرات زیاد، گروه III ژنوتیپ‌های با عملکرد کم و تغییرات کم، و گروه IV ژنوتیپ‌های با عملکرد کم و تغییرات زیاد تقسیم کرد.

اکووالانس ریک (W^2)

ریک (Wricke, 1962) مفهوم اکووالانس را به‌عنوان یک آماره پیداری پارامتری معرفی کرد که به سهم یک ژنوتیپ از مجموع مربعات برهمکنش در یک تحلیل واریانس دوطرفه اشاره دارد و به‌عنوان معیاری برای اندازه‌گیری ناپایداری آن ژنوتیپ استفاده می‌شود. این معیار بعداً توسط کانگ و میلر (Kang & Miller, 1984) به صورت W_i^2 ارایه شد:

$$W_i^2 = \sum[X_{ij} - \overline{X}_{i.} - \overline{X}_{.j} + \overline{X}_{..}]^2 \qquad (۱۹)$$

که در آن، X_{ij} عملکرد دانه ژنوتیپ iام در محیط jام، $\overline{X}_{i.}$ میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ iام، $\overline{X}_{.j}$ میانگین عملکرد دانه محیط jام و $\overline{X}_{..}$ میانگین کل عملکرد دانه است.

بنابراین، با توجه به اینکه $\sum_i W_i^2 = SS(GE)$ است، ژنوتیپ‌های با مقادیر کم‌تر این شاخص، انحرافات کم‌تری از میانگین در بین محیط‌ها دارند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدارتر شناخته می‌شوند.

فریمن و پرکینز (Freeman & Perkins, 1971) به‌ویژه در مورد تقسیم مجموع مربعات برهمکنش به S گروه، انتقاداتی به این روش وارد کردند. آن‌ها بیان کردند که در شرایطی که تعداد ژنوتیپ‌ها (s) و تعداد محیط‌ها (t) مشخص باشد، نمی‌توان به‌راحتی مجموع مربعات تعامل ژنوتیپ×محیط را به s گروه تقسیم کرد. همچنین، درجات آزادی تعامل ژنوتیپ×محیط برابر با (t -1)(s -1) است که معمولاً قابل تقسیم بر s نیست. علاوه بر این، هیچ روش معتبری برای آزمون معنی‌داری این پارامتر پیشنهاد نشده است. این موضوع می‌تواند منجر به چالش‌هایی در تحلیل‌های آماری و عدم قابلیت اعتماد نتایج شود.

واریانس پایداری شوکلا (σ_i^2)

در این روش، واریانس ژنوتیپ i در محیط‌های مختلف، بر اساس باقیمانده حاصل از طبقه‌بندی دو طرفه ژنوتیپ× محیط، به‌صورت زیر به‌دست می‌آید (Shukla, 1972):

$$\sigma_i^2 = \left[\frac{p}{(p-2)(q-1)}\right] W_i^2 - \frac{\sum_i W_i^2}{(p-1)(p-2)(q-1)} \qquad (۲۰)$$

که در آن W_i^2 معادل شاخص ریک است و p و q به‌ترتیب نمایانگر تعداد ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها می‌باشند.

واریانس پایداری شوکلا یک ترکیب خطی از اکووالانس ریک محسوب می‌شود. بنابراین، اکووالانس و واریانس پایداری از نظر درجه‌بندی ژنوتیپ‌ها ارزش یکسانی دارند. از آنجایی‌که واریانس پایداری تفاوت بین دو مجموع مربعات را نشان می‌دهد، ممکن است مقدار آن منفی باشد. برآوردهای منفی واریانس پایداری (σ_i^2) را می‌توان معادل صفر در نظر گرفت. بر اساس واریانس پایداری شوکلا، ژنوتیپی پایدار است که در آن مقدار واریانس پایداری حداقل باشد.

پارامتر پایداری پلیستد و پیترسون

پلیستد و پترسون (Plaisted & Peterson, 1959) برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف از تجزیه واریانس (ANOVA) استفاده کردند. در این روش، آزمایش با استفاده از p ژنوتیپ در q محیط انجام می‌شود. جدول تجزیه واریانس برای هر جفت ژنوتیپ تشکیل و واریانس برهمکنش ژنوتیپ و محیط محاسبه می‌شود. این حالت برای تمام جفت ژنوتیپ‌های ممکن تکرار می‌شود. به این ترتیب، P(P-1)/2 جدول تجزیه واریانس به‌دست خواهد آمد. سپس با توجه به جدول‌های به‌دست آمده، در جدول‌هایی که یک ژنوتیپ مشخص در آن وجود دارد، واریانس برهمکنش مربوط به آن ژنوتیپ با هم جمع و سپس میانگین آن‌ها محاسبه می‌شود. به این ترتیب، سهم هر ژنوتیپ در برهمکنش به‌دست می‌آید. هر ژنوتیپی که میانگین کم‌تری داشت، سهم کم‌تری در واریانس دارد و پایدارتر است. به‌عبارت دیگر، ژنوتیپ‌های دارای میانگین واریانس تعاملی (θ_i) کم‌تر، پایدارتر هستند. محاسبه عملی این روش با رابطه زیر است (Lin *et al*., 1986):

$$\theta = \frac{p}{2(p-1)(q-1)} \sum_{i=1}^{q} \left(x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}\right)^2 + \frac{SS(GE)}{2(p-2)(q-1)} \qquad (۲۱)$$

$$SS(GE) = \sum\sum\left[(x_{ij} - \bar{x}_{..}) - (\bar{x}_{i.} - \bar{x}_{..}) - (\bar{x}_{.j} - \bar{x}_{..})\right]^2 = \sum\sum(x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..})^2$$

در این رابطه، x_{ij} عملکرد ژنوتیپ iام در محیط jام، $\bar{x}_{i.}$ میانگین عملکرد ژنوتیپ iام در تمامی محیط‌ها، $\bar{x}_{.j}$ میانگین عملکرد محیط jام، $\bar{x}_{..}$ میانگین کل و SSGE مجموع مربعات تعامل ژنوتیپ×محیط (GEI) است.

پارامتر پلیستد

در روش پلیستد (Plaisted, 1960)، ژنوتیپ iام از داده‌ها حذف و سپس تجزیه واریانس (ANOVA) برای باقی‌مانده ژنوتیپ‌ها انجام و واریانس تعامل ژنوتیپ×محیط محاسبه می‌شود. این واریانس به‌عنوان شاخص پایداری برای ژنوتیپ iام درنظر گرفته می‌شود. هرچه این واریانس بزرگ‌تر باشد، سهم ژنوتیپ حذف شده کم‌تر و بنابراین ژنوتیپ پایدارتر است. نحوه عمل به‌صورت زیر است:

$$\theta_{(i)} = \frac{-p}{(p-1)(p-2)(q-1)}\sum_{j=1}^{q}(x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..})^2 + \frac{SS(GE)}{(p-2)(q-1)} \quad (۲۲)$$

شاخص برتری (Pi)

این شاخص که توسط بینز و لین (Lin & Binns, 1988b) برای بررسی برهمکنش ژنوتیپ و محیط ارائه شد، میانگین مربعات فاصله بین واکنش یک ژنوتیپ و حداکثر واکنش در محیط‌های مختلف را نشان می‌دهد. هر چه مقدار Pi کوچک‌تر باشد، فاصله بین ژنوتیپ و ژنوتیپی که بالاترین میزان عملکرد را دارد، کم‌تر می‌شود و به این ترتیب ژنوتیپ بهتری به‌شمار می‌آید. شاخص برتری که ترکیبی از توانایی تولید و پایداری است، ژنوتیپ پایدار را به‌عنوان ژنوتیپی با عملکرد نزدیک به بیش‌ترین عملکرد در محیط‌های مختلف تعریف می‌کند (Lin & Binns, 1988b). به‌همین دلیل، این شاخص به هدف به‌نژادگران که در آن، رقم برتر باید بالاترین عملکرد را در بیش‌تر محیط‌ها داشته باشد، بسیار نزدیک است. رابطه (۲۳) نحوه محاسبه این آماره را نشان می‌دهد:

$$P_i = \sum_{j=1}^{n}(X_{ij} - M_j)^2/2n \quad (۲۳)$$

که در آن، n تعداد محیط‌ها، X_{ij} عملکرد ژنوتیپ iام در محیط jام و M_j حداکثر پاسخ (عملکرد) در بین تمام ژنوتیپ‌ها در محیط j می‌باشد.

واریانس درون مکانی

بنا بر اعتقاد (Lin & Binns,1988a, 1991)، مکان عاملی نیست که قابل کنترل نباشد و بنابراین نیازی نیست که یک واریته برای چندین منطقه توصیه شود. ایشان در تجزیه‌ها، مکان را به‌عنوان یک عامل ثابت در نظر گرفتند و عامل سال را به‌دلیل غیر قابل کنترل و پیش‌بینی بودن، عامل تصادفی شمردند و اظهار داشتند که واریته‌ای پایدار است که در طول سال‌های مورد آزمایش نوسان کم‌تری داشته باشد. به‌همین دلیل میانگین واریانس بین سال‌های درون مکان‌ها را به‌عنوان پارامتر پایداری پیشنهاد دادند. برای محاسبه این پارامتر که به میانگین مربعات درون مکانی ($MS_{Y/L}$) نیز معروف است، واریانس عملکرد بین سال‌ها در هر مکان برای هر ژنوتیپ محاسبه شده و پس از محاسبه این واریانس‌ها برای کلیه مکان‌ها، میانگین آن‌ها برای هر ژنوتیپ به‌عنوان واریانس درون مکانی آن ژنوتیپ محاسبه می‌شود. بنابراین، در این روش عامل مکان از محاسبات پایداری جدا می‌شود و واریته‌ای که واریانس درون مکانی کمتری داشته باشد، پایدارتر خواهد بود. در برخی از مطالعات نیز ضریب تغییرات درون مکانی که خود از جذر واریانس درون مکانی و تقسیم آن بر میانگین ژنوتیپ‌ها به‌دست می‌آید، استفاده می‌شود و مقادیر کم آن نشان‌دهنده پایداری خواهد بود.

دسته‌بندی پارامترهای پایداری تک متغیره

لین و همکاران (Lin *et al*., 1986) طی مرور منابع، آماره‌های موجود تا آن زمان (۱۹۸۶) را در قالب سه نوع (تیپ) پایداری دسته‌بندی و دو سال بعد (۱۹۸۸)، به‌دلیل محدودیت نظری و عملی این سه نوع آماره، شاخص جدیدی تحت عنوان واریانس درون مکانی را به‌عنوان آماره نوع چهارم معرفی کردند (Lin & Binns, 1988a):

پایداری نوع اول (تیپ I): این گروه شامل آماره‌های واریانس محیطی و ضریب تغییرات محیطی است. واریته پایدار در این تیپ باید تنوع و واریانس کمی در محیط‌های مختلف داشته باشد. این نوع پایداری معمولاً همبستگی منفی با عملکرد بالا دارد (Roy, 2000) و به‌ندرت توسط به‌نژادگران استفاده می‌شود، زیرا به‌نژادگران، علاوه بر پایداری، عملکرد بالا را نیز مورد توجه قرار می‌دهند.

پایداری نوع دوم (تیپ II): در این نوع، واریته‌ای پایدار است که پاسخ آن به محیط با میانگین کل ژنوتیپ‌ها مطابقت دارد. این نوع پایداری نسبی است و بستگی به ژنوتیپ‌های مورد آزمایش دارد. آماره‌هایی نظیر اکووالانس ریک (W^2)، واریانس پایداری شوکلا (σ_i^2)، ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون (bi) و ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز (βi) در این گروه قرار می‌گیرند (Lin *et al*., 1986).

پایداری نوع سوم (تیپ III): این گروه شامل روش‌هایی مانند ابرهارت و راسل (معیار میانگین مربعات انحراف از رگرسیون)، پرکینز و جینکز و ضریب تبیین است که نشان‌دهنده برازش مدل هستند. بر مبنای این روش‌ها، ژنوتیپی پایدار است که میانگین مربعات انحراف از خط رگرسیون آن روی شاخص‌های محیطی کوچک‌تر باشد. لین و بینز (Lin & Binns, 1991) بیان کردند که این روش‌ها نشان‌دهنده برازش خوب مدل هستند و نمی‌توانند به‌عنوان پارامتر پایداری مورد استفاده قرار گیرند.

پایداری نوع چهارم (تیپ IV): نوع چهارم پایداری زمانی قابل محاسبه است که داده‌ها به‌صورت برهمکنش واریته×منطقه در زمان (سال یا تاریخ کاشت) سازماندهی شوند. در این نوع، ژنوتیپی پایدار است که واریانس عملکرد آن طی سال‌های مختلف کم‌تر باشد. واریانس درون مکانی برای هر رقم به‌عنوان یک آماره مستقل از سایر رقم‌ها شناخته می‌شود و در این دسته قرار می‌گیرد. همچنین، این نوع پایداری وراثت‌پذیر است (Lin & Binns, 1991).

به‌طور کلی، در مقایسه پارامترهای مختلف، لین و بینز (Lin & Binns, 1991) بیان کردند که پارامترهای نوع اول و چهارم دارای ثبات هستند، در حالی‌که نوع دوم و سوم از ثبات برخوردار نیستند. همچنین، آن‌ها اعلام کردند که از میان چهار نوع پایداری، انواع دو و سه مفید نیستند، در حالی‌که انواع یک و چهار ژنتیکی و برای گزینش مناسب هستند.

مطالعات پایداری در غلات

گزارش‌های متعددی در رابطه با استفاده از روش‌های ناپارامتری برای تجزیه و تحلیل برهمکنش ژنوتیپ×محیط (GEI) و انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار در محصولات مختلف وجود دارد. امینی و همکاران (Amini *et al*., 2010) همبستگی رتبه‌ای بین آماره‌های مختلف پایداری و عملکرد دانه را بررسی نموده و روش ناپارامتری رتبه‌بندی و همچنین معیار کانگ را گزینه‌های مناسبی برای گزینش ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار گندم معرفی کردند. در ارزیابی پایداری ۱۵ ژنوتیپ گندم پیشرفته (Dehghani *et al*., 2008) و ۴۰ لاین هاپلوئید مضاعف جو (Khalili & Pour-Aboughadareh, 2016)، مفهوم پویای پایداری برای پارامتر TOP گزارش شد. کریمی‌زاده و همکاران (Karimizadeh *et al*., 2012) نیز آماره ناپارامتری $S^{(6)}$ را به‌عنوان معیاری که مفهوم پویای پایداری را نشان می‌دهد، برای شناسایی ژنوتیپ‌های عدس با عملکرد بالا و پایدار در آزمایش‌های MET معرفی کردند. تجزیه و تحلیل ناپارامتری پایداری فنوتیپی در ژنوتیپ‌های گندم دوروم نشان داد که پارامترهای TOP و RK همبستگی قابل ملاحظه‌ای با میانگین عملکرد دارند و می‌توان آن‌ها را به‌عنوان پارامتری با مفهوم پویای پایداری در نظر گرفت که برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار استفاده می‌شود (Mohammadi & Amri, 2012). صباغ‌نیا و همکاران (Sabaghnia *et al*., 2012) همبستگی مثبتی بین عملکرد دانه و پارامترهای پایداری $NP_{(2)}$، $NP_{(3)}$ و $NP_{(4)}$ در ژنوتیپ‌های گندم دوروم گزارش کردند و همچنین مفهوم پویای پایداری را برای این اندازه‌گیری‌ها نشان دادند. در مطالعه‌ای دیگر، مرتضویان و عزیزی‌نیا (Mortazavian & Azizi-Nia, 2014) گزارش کردند که پارامترهای TOP، $S^{(1)}$ و RK برای تشخیص پایداری ژنوتیپ‌ها مفید هستند. همچنین، واعظی و همکاران (Vaezi *et al*., 2018) نشان دادند که پارامترهای RK، $S^{(3)}$، $S^{(6)}$، $NP^{(2)}$، $NP^{(3)}$ و $NP^{(4)}$ در انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار جو در محیط‌های مختلف کاربرد دارند. در مطالعه دیگری در برنج، مفهوم پویای پایداری برای آماره RK (مجموع رتبه کانگ) گزارش شد (Hashim *et al*., 2021). آبیار و همکاران (Abyar *et al*., 2021) گزارش کردند که در بین آماره‌های پایداری ناپارامتری، $S^{(1)}$، $S^{(3)}$، $S^{(6)}$، $NP^{(3)}$، $NP^{(4)}$، RK و TOP رابطه معنی‌داری با میانگین عملکرد دانه و مفهوم دینامیک پایداری داشتند و بنابراین بهترین پارامترها برای ارزیابی ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار گندم بودند. علیزاده و همکاران (Alizadeh *et al*., 2022)، برهمکنش GE را در لاین‌های کلزای زمستانه بررسی کردند و نشان دادند که پارامترهایی مانند $S^{(2)}$، $S^{(3)}$، $S^{(6)}$، $NP^{(2)}$، $NP^{(3)}$ و $NP^{(6)}$ همبستگی قوی با عملکرد دانه داشتند و می‌توانند برای شناسایی لاین‌های پرمحصول و پایدار به به‌نژادگران کمک کنند.

مدل‌های پارامتری مبتنی بر تجزیه واریانس و رگرسیون نیز به‌طور گسترده‌ای در مطالعات پایداری در کشاورزی مورد استفاده قرار گرفته‌اند. تکرارپذیری آماره‌ها عامل مهمی برای استفاده از آن‌ها طی سال‌های متوالی است و هر آماره‌ای که تکرارپذیرتر باشد یا همبستگی بالایی با آماره‌های پایداری دیگر داشته باشد، می‌تواند به‌عنوان یک پارامتر مناسب برای تعیین ژنوتیپ پایدار

استفاده شود (Karimizadeh *et al*., 2009). جلال‌الدین و هاریسون (Jalaluddin & Harrison, 1993) پایداری عملکرد دانه در گندم را بررسی کردند و نشان دادند که آماره‌های ضریب فینلی و ویلکینسون (b_i) و ابرهارت و راسل (S_{di}^2) در محیط‌های مورد مطالعه تکرارپذیر نبودند، در حالی‌که آماره‌های واریانس محیطی (S_i^2) و ضریب تشخیص (r^2) تکرارپذیری پایینی داشتند و فقط آماره‌های CV و ضریب رگرسیون دارای تکرارپذیری بالایی بودند. در مطالعه دیگری که به بررسی ژنوتیپ‌های گندم دوروم پرداخته شد، روش‌های پارامتری تک‌متغیره مختلفی مانند ضریب رگرسیون، مجموع مربعات، انحراف از خط رگرسیون ابرهارت و راسل، ضریب تبیین، واریانس پایداری شوکلا، اکووالانس ریک و واریانس محیطی مورد استفاده قرار گرفت. در نهایت، دو ژنوتیپ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی شدند (Akcura *et al*., 2006). کریمی‌زاده و همکاران (Karimizadeh *et al*., 2009) به‌منظور تعیین برترین ژنوتیپ‌های جو برای مناطق دیم نیمه‌گرمسیری، چندین روش تک‌متغیره و چندمتغیره را برای تجزیه داده‌های عملکرد دانه مورد استفاده قرار دادند و بیان داشتند که ضریب رگرسیون فینیلی و ویلکینسون و آماره انحراف از خط رگرسیون ابرهارت و راسل همبستگی بالایی با رتبه میانگین عملکرد داشتند. سروش و ربیعی (Soroush & Rabiei, 2009)، برهمکنش ژنوتیپ × محیط و پایداری عملکرد دانه هفت لاین امیدبخش برنج و یک رقم تجاری را طی سه سال در مناطق مختلف استان گیلان با استفاده از روش‌های مختلف مورد ارزیابی قرار دادند و دو لاین امیدبخش را که علاوه بر پایداری، دارای عملکرد دانه بالاتری از رقم تجاری خزر بودند، به‌عنوان لاین‌های جدید پایدار و پرمحصول معرفی کردند.

سیوکور و همکاران (Syukur *et al*., 2011) با استفاده از مجموعه‌ای از پارامترهای تک‌متغیره نتایج مشابهی در ارزیابی ژنوتیپ‌های برتر به‌دست آوردند. آن‌ها تحلیل همبستگی اسپیرمن را برای تعیین ارتباط بین پارامترهای پایداری و عملکرد انجام داده و نشان دادند که پارامتر پایداری تای (α_i) همبستگی مثبت و معنی‌داری با عملکرد داشت. همچنین پارامتر پایداری شاخص برتری (P_i) همبستگی منفی معنی‌داری با عملکرد نشان داد، در حالی‌که سایر پارامترها نظیر ضریب رگرسیون فینلی و ویلکینسون (b_i) و انحراف از رگرسیون ابرهارت و راسل (S_{di}^2) همبستگی معنی‌داری با یکدیگر داشتند که نشان‌دهنده اندازه‌گیری جنبه‌های مشابهی از پایداری است. این نتایج نشان داد که از بین این پارامترها می‌توان به‌طور جایگزین استفاده کرد و همچنین تأکید شد که این روش‌های رگرسیونی یک روش قابل اعتماد برای ارزیابی پایداری عملکرد هستند و تطابق بالایی با روش چندمتغیره AMMI دارند. در تحقیق دیگری، تاری‌نژاد (Tarinejad, 2016) سازگاری و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های پیشرفته گندم نان بهاره را در پنج محیط مورد بررسی قرار داد. وی از روش‌های ابرهارت و راسل، لین و بینز، ضریب تغییرات و روش‌های غیرپارامتری رتبه‌ای برای انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار استفاده دو ژنوتیپ را به‌عنوان پایدارترین و پربازده‌ترین ژنوتیپ‌ها در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه شناسایی کرد. واعظی و همکاران (Vaezi *et al*., 2018)، مجموعه‌ای از آماره‌های پارامتری و ناپارامتری را برای شناسایی رقم‌های پایدار جو مورد استفاده قرار دادند و گزارش کردند که گزینش ژنوتیپ‌های پربازده و پایدار باید با در نظر گرفتن تمام پارامترهای پایداری صورت گیرد، چرا که بررسی پایداری رقم‌ها تنها با استفاده از یک مجموعه از آماره‌ها ممکن است نتایج دقیقی ارائه ندهد. طاهریان و همکاران (Taherian *et al*., 2019) با بررسی پایداری ۱۷ ژنوتیپ جو در دو شرایط بدون تنش و تنش شوری طی دو سال با استفاده از مدل رگرسیونی ابرهارت و راسل، ژنوتیپ‌های فجر۳۰، نیک و لاین امیدبخش MBS4-82 را به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی کردند. همچنین، با استفاده از روش تای، دو رقم فجر۳۰ و ریحان با کم‌ترین میزان پارامتر αi به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار شناسایی شدند. در تحقیق دیگری، مومنی و همکاران (Moumeni *et al*., 2019) با ارزیابی هفت لاین خالص اصلاحی منتخب برنج طی سه سال در چهار منطقه، لاین‌های پایدار را با استفاده از روش‌های پارامتری تک‌متغیره شامل شیب خط رگرسیون و روش AMMI معرفی کردند. شریفی و همکاران (Sharifi *et al*., 2020)نیز با بررسی نه لاین امیدبخش برنج در شمال ایران، از مجموعه‌ای از روش‌های مختلف شامل تجزیه واریانس محیطی (S_i^2)، ضریب تغییرات (CV_i)، واریانس (σ^2)و واریانس انحراف شوکلا (S^2)، اکووالانس ریک (W_i)، ضریب رگرسیون (b_i)، ضریب تشخیص (R^2)، تجزیه واریانس ابرهارت-راسل، آمار پایداری عملکرد (YS_i) و روش‌های ناپارامتری $S_i^{(1)}$، $S_i^{(2)}$، TOP و میانگین و انحراف معیار برای تحلیل پایداری استفاده کردند. نتایج

آن‌ها نشان داد که آن دسته از شاخص‌هایی که همبستگی بالایی با یکدیگر دارند، می‌توانند از تجزیه‌ها حذف شوند.

براتی و همکاران (Barati *et al*., 2022) در بررسی عملکرد و پایداری ۲۰ ژنوتیپ جو، از آماره‌های مختلف از جمله ضریب تغییرات محیطی، اکووالانس ریک، واریانس پایداری شوکلا، ضریب رگرسیون فینیلی و ویلکینسون، انحراف از خط رگرسیون و ضریب تشخیص پینتوس و همچنین روش‌های پارامتری مبتنی بر BLUP/REML استفاده و اظهار کردند که برای انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل، باید تمامی روش‌های آماری را در نظر گرفت. فرخ زاده و همکاران (Farokhzadeh *et al*., 2022)، هشت لاین اولیه تریتی‌پایروم، پنج لاین امیدبخش تریتیکاله و چهار واریته گندم نان را در سه محیط و چهار فصل زراعی ارزیابی و برای انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار، از روش‌های رگرسیون ابرهارت و راسل، واریانس محیطی، اکووالانس ریک، واریانس پایداری شوکلا، AMMI و روش تای استفاده کردند. نتایج نشان داد که میانگین عملکرد با آماره‌های رگرسیون خطی، انحراف از رگرسیون خطی، اکووالانس ریک و واریانس پایداری شوکلا همبستگی منفی و با ضریب تبیین همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت. سه شاخص شوکلا (σ_i^2)، اکوالانس ریک (W_i) و واریانس محیطی (S^2_i) نیز با معیار دوم پایداری ابرهارت و راسل (S^2_{di}) همبستگی مثبت داشتند، به‌طوری که استفاده از آن‌ها به‌جای یکدیگر امکان‌پذیر و کارآمد بود. آن‌ها بر اساس تمامی روش‌ها، لاین تریتیکاله M45 و تریتی‌پایروم (Ka/b)(Cr/b)-5 را به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول شناسایی و برای تولید واریته‌های گندم نان متحمل به شوری پیشنهاد کردند. کبده و همکاران (Kebede *et al*., 2023) از مجموعه‌ای از روش‌های پارامتری تک‌متغیره و ناپارامتری برای بررسی پایداری عملکرد ۲۴ ژنوتیپ جو دو سر در نه محیط مختلف استفاده و پارامترهایی نظیر شاخص برتری ژنوتیپی (P_i)، ضریب رگرسیون خطی پرکینز و جینکز (B_i) و شاخص پایداری عملکرد (YSI) را در انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول موفق ارزیابی کردند. این یافته‌ها نشان می‌دهند که انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس پارامترهای پایداری می‌تواند به بهبود عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های جو کمک کند. همچنین، ضریب همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن وجود ارتباط مثبت معنی‌دار بین عملکرد دانه و پارامترهای پایداری Pi، Bi و YSI را نشان داد، در حالی‌که ارتباط بین عملکرد و شاخص‌هایی نظیر انحراف استاندارد، انحراف از رگرسیون، شاخص مطلوبیت هرناندز (D_{ji})، اکووالانس ریک (W_i)، واریانس پایداری شوکلا (σ_i^2)، ارزش پایداری AMMI (ASV) و واریانس محیطی منفی بود. این موضوع نشان می‌دهد که استفاده از این پارامترهای پایداری برای انتخاب ژنوتیپ‌های جو به‌منظور بهبود عملکرد مؤثر نخواهد بود، زیرا این پارامترها بیش‌تر به ژنوتیپ‌های با عملکرد پایین تا ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا مرتبط هستند.

نتیجه‌گیری کلی

در این مطالعه، کارایی شاخص‌های مختلف ناپارامتری و پارامتری تک‌متغیره در ارزیابی پایداری و عملکرد ژنوتیپ‌ها در METها مورد بررسی و مقایسه قرار گرفت. یافته‌های این مطالعه نشان دادند که روش‌های پارامتری در تحلیل برهمکنش ژنوتیپ × محیط از کارایی بالاتری برخوردار هستند، در حالی‌که روش‌های ناپارامتری قابلیت بیش‌تری در تجزیه و تحلیل برهمکنش‌های غیرمتقاطع دارند. به‌نظر می‌رسد که هدف به‌نژادگر و اندازه نمونه مورد مطالعه، دو عامل کلیدی در تعیین برتری این دو نوع شاخص نسبت به هم هستند. اگر هدف به‌نژادگر فقط رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف باشد، استفاده از سنجش‌های ناپارامتری مناسب هستند. در صورتی که اندازه نمونه کوچک باشد، سنجش‌های پارامتری نسبت به ناپارامتری مناسب‌تر خواهند بود، اما با افزایش اندازه نمونه، کارایی هر دو نوع سنجش تقریباً یکسان می‌شود. به‌نظر می‌رسد که ترکیب هر دو نوع شاخص‌های پایداری، انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد پایدار را تسهیل می‌کند. در حال حاضر، روش‌های تک متغیره اعم از پارامتری و ناپارامتری تلاش دارند تا برهمکنش ژنوتیپ و محیط را در یک یا دو شاخص توصیف کنند و محاسبه و تفسیر آن‌ها آسان است. با این‌حال، روش ابرهارت و راسل و تای با در نظر گرفتن چندین شاخص برای انتخاب پایدارترین ژنوتیپ‌ها و روش نوع چهار لین و بینز به‌دلیل ویژگی‌های وراثتی و ژنتیکی خود، می‌توانند گزینه‌های بهتری برای تجزیه و تحلیل باشند. در نهایت، یافته‌های این تحقیق نشان داد که نتایج حاصل از روش‌های رگرسیون کم و بیش مشابه هستند. بنابراین، پیشنهاد می‌شود که در کنار روش‌های رگرسیونی، از سایر روش‌های پایداری مانند روش‌های ناپارامتری و شاخص‌های مبتنی بر تجزیه واریانس برای تعیین همبستگی و تکرارپذیری و شناسایی

بهترین روش‌ها استفاده شود. این نتایج برای به‌نژادگران گیاهی و متخصصان ژنتیک بسیار مفید هستند، زیرا به آن‌ها در انتخاب ژنوتیپ‌های امیدبخش همزمان بر اساس عملکرد محصول و پایداری عملکرد کمک می‌کنند. این امر به‌نوبه خود موجب ارتقای پایداری تولید محصول که هدف برنامه‌ریزان و سیاست‌گذاران است، می‌شود و در نهایت دسترسی و امنیت غذایی بیش‌تری را برای جمعیت رو به رشد تضمین خواهد کرد.

تضاد منافع

نویسندگان تایید می‌کنند که این تحقیق در غیاب هرگونه روابط تجاری یا مالی می‌تواند به عنوان تضاد منافع بالقوه تعبیر شود، انجام شده است.

رعایت اخلاق در نشر

نویسندگان اعلام می‌کنند که در نگارش این مقاله به‌طور کامل از اخلاق نشر از جمله سرقت ادبی، سوء رفتار، جعل داده‌ها و انتشار دوگانه، پیروی کرده‌اند. همچنین این مقاله حاصل یک کار تحقیقاتی اصیل بوده و تاکنون به‌طور کامل به هیچ زبانی و در هیچ نشریه یا همایشی چاپ و منتشر نشده است و هیچ اقدامی نیز برای انتشار آن در هیچ نشریه یا همایشی صورت نگرفته و نخواهد گرفت.

اجازه انتشار مقاله

نویسندگان با چاپ این مقاله به‌صورت دسترسی باز موافقت کرده و کلیه حقوق استفاده از محتوا، جدول‌ها، شکل‌ها، تصویرها و غیره را به ناشر واگذار می‌کنند.

References

Abyar, S., Navabpour, S., Karimizadeh, R., Nasrollahnejad Ghomi, A. A., Kiani, G., & Gholizadeh, A. (2021). Evaluation of genotype × environment interaction and grain yield stability of different bread wheat genotypes using non-parametric methods. *Cereal Research*, *11*(2), 89-104. [In Persian]. doi: 10.22124/cr.2021.20461.1687.

Achenef, G. (2022). Advancement of analytical models quantifying G × E interactions and stability analysis in multi-environment trial. *International Journal of Research in Agricultural Sciences*, *9*(4), 103-120.

Akcura, M., Kaya, Y., Taner, S., & Ayranci, R. (2006). Parametric stability analysis for grain yield of durum wheat. *Plant, Soil & Environment*, *52*, 254-261. doi: 10.17221/3438-PSE.

Alipour, H., Abdi, H., Rahimi, Y., & Bihamta, M. R. (2019). Investigating grain yield and yield stability of wheat cultivars introduced in Iran over the last half century. *Cereal Research*, *9*(2), 157-167. [In Persian]. doi: 10.22124/c.2019.13311.1492.

Alizadeh, B., Rezaizad, A., Hamedani, M. Y., Shiresmaeili, G., Nasserghadimi, F., Khademhamzeh, H. R., & Gholizadeh, A. (2022). Genotype × environment interactions and simultaneous selection for high seed yield and stability in winter rapeseed (*Brassica napus*) multi-environment trials. *Agricultural Research*, *11*(2), 185-196. doi: 10.1007/s40003-021-00565-9.

Amini, A., Vahabzadeh, M., Majidi, E., Afyouni, D., Tabatabaei, S. M. T., Saberi, M. H., Lotfi, A., & Ravari, S. Z. A. (2010). Grain yield stability and adaptability of bread wheat genotypes using different stability indices under salinity stress conditions. *Seed & Plant Improvement Journal*, *26*(3), 397-411. [In Persian]. doi: 10.22092/spij.2017.111032.

Annicchiarico, P. (2002). Genotype × Environment Interactions: Challenges and Opportunities for Plant Breeding and Cultivar Recommendations. FAO Plant Production & Protection Paper No. 174. of Food & Agriculture Organization of the Unitrd Nations (FAO) Publications, Rome, Italy.

Baker, R. J. (1988). Tests for crossover genotype-environmental interactions. *Canadian Journal of Plant Science*, *68*(2), 405-410. doi: 10.4141/cjps88-051.

Barati, A., Zali, H., Pour-Aboughadareh, A., Gholipour, A., Koohkan, S., Shahbazi Homounlo, K., Marzoghiyan, A., Jabari, M., Poodineh, O., & Kheirgo, M. (2022). Interaction effects of genotype × environment using path analysis and mixed models in barley superior lines. *Iranian Journal of Field Crop Science*, *53*(2), 177-191. [In Persian]. doi: 10.22059/IJFCS.2021.323545.654826.

Becker, H. C. (1981). Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica*, *30*, 835-840. doi: 10.1007/BF00038812.

Becker, H. C., & Leon, J. (1988). Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding*, *101*(1), 1-23. doi: 10.1111/j.1439-0523.1988.tb00261.x.

Boyko, A., & Kovalchuk, I. (2011). Genome instability and epigenetic modification-heritable responses to environmental stress. *Current Opinion in Plant Biology*, *14*(3), 260-266. doi: 10.1016/j.pbi.2011.03.003.

Breese, E. L., & Mather, K. (1960). The organisation of polygenic activity within a chromosome in *Drosophila*. *Heredity*, *14*, 375-399. doi: 10.1038/hdy.1960.36.

Cooper, M., Rajatasereekul, S., Immark, S., Fukai, S., & Basnayake, J. (1999). Rainfed lowland rice breeding strategies for Northeast Thailand. I. Genotypic variation and genotype × environment interactions for grain yield. *Field Crops Research*, *64*, 131-151. https://doi.org/10.1016/S0378-4290(99)00056-8.

Cooper, M., Technow, F., Messina, C., Gho, C., & Totir, L. R. (2016). Use of crop growth models with whole-genome prediction: Application to a maize multi-environment trial. *Crop Science*, *56*, 2141-2156. doi: 10.2135/cropsci2015.08.0512.

Crossa, J. (1990). Statistical analysis of multilocation trials. *Advances in Agronomy*, *44*, 55-85. doi: 10.1016/S0065-2113(08)60818-4.

Crossa, J., Vargas, M., Van Eeuwijk, F. A., Jiang, C., Edmeades, G. O., & Hoisintong, D. (1999). Interpreting genotype × environment interaction in tropical maize using linked molecular markers and environmental covariables. *Theoretical & Applied Genetics*, *99*, 611-625. doi: 10.1007/s001220051276.

Crow, J. F. (1986). Basic Concepts in Population, Quantitative and Evolutionary Genetics. W. H. Freeman & Co., New York.

Dehghani, M. R., Farshadfar, E., & Karami, A. (2008). Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. *Euphytica*, *159*(3), 419-432. doi: 10.1007/s10681-007-9629-1.

Denis, J. B., Gauch, H. G., Jr, Kang, M. S., Van Eeuwijk, F. A., & Zobel, R. W. (1996). Bibliography on genotype-by-environment interaction. In: Kang, M. S., & Gauch, H. G., Jr (Eds.). Genotype by Environment Interaction. CRC Press, Boca Raton, Florida, pp. 405-409.

Dia, M., Wehner, T. C., Hassell, R., Price, D. S., Boyhan, G. E., Olson, S., King, S., Davis, A. R., Tolla, G. E., Bernier, J., & Juarez, B. (2016). Value of locations for representing megaenvironments and for discriminating yield of watermelon in the US. *Crop Science*, *56*(4), 1726-1735. doi: 10.2135/cropsci2015.11.0698.

Doolittle, D. P. (1987). Population Genetics: Basic Principles. Springer, New York.

Eberhart, S. T., & Russell, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, *6*(1), 36-40. doi: 10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x.

Eisemann, R. L., Cooper, M., & Woodruff, D. R. (1990). Beyond the analytical methodology, better interpretation and exploitation of GE interaction in plant breeding. In: Kang, M. S. (Ed.). Genotype-by-Environment Interaction and Plant Breeding. Louisiana State University Agricultural Center, Baton Rouge, Louisiana, pp. 108-117.

Farokhzadeh, S., Shahsavand Hassani, H., Mohammadi-Nejad, G., & Zinati, Z. (2022). Evaluation of grain yield stability of tritipyrum as a novel cereal in comparison with triticale lines and bread wheat varieties through univariate and multivariate parametric methods. *PLoS ONE*, *17*(9), e0274588. doi: 10.1371/journal.pone.0274588.

Farshadfar, A. (2015). The interaction effect of genotype and environment in plant breeding. Kermanshah Branch, Islamic Azad University Press, 531 p.

Farshadfar, E., Sabaghpour, S. H., & Zali, H. (2012). Comparison of parametric and non-parametric stability statistics for selecting stable chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes under diverse environments. *Australian Journal of Crop Science*, *6*(3), 514-524.

Fernández-Paz, J., Cortés, A. J., Hernández-Varela, C. A., Mejía-de-Tafur, M. S., Rodriguez-Medina, C., & Baligar, V. C. (2021). Rootstock-mediated genetic variance in cadmium uptake by juvenile cacao (*Theobroma cacao* L.) genotypes, and its effect on growth and physiology. *Frontiers in Plant Science*, *12*, 777842. doi: 10.3389/fpls.2021.777842.

Finlay, K. W., & Wilkinson, G. N. (1963). The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, *14*(6), 742-754. doi: 10.1071/AR9630742.

Flores, F., Moreno, M., & Cubero, J. (1998). A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G×E interaction. *Field Crops Research*, *56*(3), 271-286. doi: 10.1016/S0378-4290(97)00095-6.

Fox, P. N., Skovmand, B., Thompson, B. K., & Braun, H. J. (1990). Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. *Euphytica*, *47*(1), 57-64. doi: 10.1007/BF00040364.

Francis, T., & Kannenberg, L. (1978). Yield stability studies in short-season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. *Canadian Journal of Plant Science*, *58*(4), 1029-1034. doi: 10.4141/cjps78-15.

Freeman, G. H., & Perkins, J. M. (1971). Environmental and genotype-environmental components of variability VIII. Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments. *Heredity*, *27*, 15-23. doi: 10.1038/hdy.1971.67.

Fripp, Y. J., & Caten, C. E. (1971). Genotype-environment interactions in *Schizophyllum commune*. I. Analysis and character. *Heredity*, *27*, 393-407. doi: 10.1038/hdy.1971.103.

Gauch H. G. Jr, (1992). AMMI analysis on yield trials. In: Fox, P. N., & Hettel, G. P. (Eds.). Wheat Special Report No. 8: Management and Use of International Trial Data for Improving Breeding Efficiency. pp. 9-12. CIMMYT, Mexico.

Gupta, C., & Salgotra, R. K. (2022). Epigenetics and its role in affecting agronomical traits. *Frontiers in Plant Science*, *13*, 925688. doi: 10.3389/fpls.2022.925688.

Handel, A. E., Ebers, G. C., & Ramagopalan, S. V. (2009). Epigenetics: molecular mechanisms and implications for disease. *Trens in Molecular Medicine*, *16*(1), 7-16. doi: 10.1016/j.molmed.2009.11.003.

Hanson, W. D. (1970). Genotypic stability. *Theoretical & Applied Genetics*, *40*, 226-231. doi: 10.1007/BF00285245.

Hashim, N., Rafii, M. Y., Oladosu, Y., Ismail, M. R., Ramli, A., Arolu, F., & Chukwu, S. (2021). Integrating multivariate and univariate statistical models to investigate genotype-environment interaction of advanced fragrant rice genotypes under rainfed condition. *Sustainability*, *13*(8), 4555. doi: 10.3390/su13084555.

Hernandez, C. M., Crossa, J., & Castillo, A. (1993). The area under the function: an index for selecting desirable genotypes. *Theoretical & Applied Genetics*, *87*, 409-415. doi: 10.1007/BF00215085.

Holland, J. B., Nyquist, W. E., Cervantes-Martínez, C. T., & Janick, J. (2002). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: An update. In: Janick, J. (Ed.). Plant Breeding Reviews. Vol. 22. pp. 9-112. doi: 10.1002/9780470650202.ch2.

Huehn, M. (1990a). Non-parametric measures of phenotypic stability. Part I. Theory. *Euphytica*, *47*, 189-194. doi: 10.1007/BF00036213.

Huehn, M. (1990b). Non-parametric measures of phenotypic stability: Part II. Application. *Euphytica*, *47*, 195-201. doi: 10.1007/BF00024242.

Huehn, M. (1996). Non-parametric analysis of genotype × environment interactions by ranks. Genotype by environment interaction. CRC Press, Boca Raton, FL. pp. 213-228.

Jalaluddin, M. D., & Harrison, S. A. (1993). Repeatability of stability statistics for grain yield in wheat. *Crop Science*, *33*, 720-725. doi: 10.2135/cropsci1993.0011183X003300040017x.

Kakoulidou, I., Avramidou, E. V., Baránek, M., Brunel-Muguet, S., Farrona, S., Johannes, F., Kaiserli, E., Lieberman-Lazarovich, M., Martinelli, F., Mladenov, V., Testillano, P. S., Vassileva, V., & Maury, S. (2021). Epigenetics for crop improvement in times of global change. *Biology*, *10*(8), 766. doi: 10.3390/biology10080766.

Kang, M. S. (1988). A rank-sum method for selecting high-yielding, stable corn genotypes. *Cereal Research Communications*, *16*(1/2), 113-115. https://www.jstor.org/stable/23782771.

Kang, M. S. (1993a). Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials: Consequences for growers. *Agronomy Journal*, *85*(3), 754-757. doi: 10.2134/agronj1993.00021962008500030016x.

Kang, M. S. (1993b). Issues in GE interaction. In: Rao, V., Hanson, I. E., & Rajanaidu, N. (Eds.). Genotype-Environment Interaction Studies in Perennial Tree Crops. Palm Oil Research Institute of Malaysia, Kuala Lumpur, Malaysia. pp. 67-73.

Kang, M. S. (1997). Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. In: Sparks, D. L. (Ed.). Advances in Agronomy. Vol. 62. Academic Press. pp. 199-252. doi: 10.1016/S0065-2113(08)60569-6.

Kang, M. S. (2020). Genotype-environment interaction and stability analyses: An update. In: Kang, M. S. (Ed.). Quantitative Genetics, Genomics, and Plant Breeding. 2nd Edition. CABI. pp. 140-161. doi: 10.1079/9781789240214.0140.

Kang, M. S., & Gauch, H. G., Jr. (1996). Genotype-by-Environment Interaction. CRC Press, Boca Raton, Florida. doi: 10.1201/9780367802226.

Kang, M. S., & Miller, J. D. (1984). Genotype × environment interactions for cane and sugar yield and their implications in sugarcane breeding. *Crop Science*, *24*(3), 435-440. doi: 10.31742/ISGPB.83.1.14.

Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Alt Jafarby, J., Shahbazi Homonlo, K., & Armion, M. (2021). Evaluation of genotype × environment interaction and determining grain yield stability of durum wheat genotypes in uniform regional yield trials in semi-warm rainfed areas. *Plant Genetic Research*, *7*(2), 25-40. [In Persian]. doi: 10.52547/pgr.7.2.3.

Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghnia, N., & Shefazadeh, M. K. (2012). Using Huehn's nonparametric stability statistics to investigate genotype × environment interaction. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, *40*(1), 293-301. doi: 10.15835/nbha4017593.

Karimizadeh, R., Vaez, B., Hosseinpour, T., Mehrban, A., & Ghojagh, H. (2009). Study on correlation and repeatability of parametric and multivariate statistics of grain yield stability in rainfed barley. *Journal of Crop Production & Processing*, *13*(48), 53-62. [In Persian]. dor: 20.1001.1.22518517.1388.13.48.5.0.

Kebede, G., Worku, W., Jifar, H., & Feyissa, F. (2023). Grain yield stability analysis using parametric and nonparametric statistics in oat (*Avena sativa* L.) genotypes in Ethiopia. *Grassland Research*, *2*(3), 182-196. doi: 10.1002/glr2.12056.

Khalili, M., & Pour-Aboughadareh, A. (2016). Parametric and non-parametric measures for evaluating yield stability and adaptability in barley doubled haploid lines. *Journal of Agricultural Science & Technology*, *18*(3), 789-803. dor: 20.1001.1.16807073.2016.18.3.20.2.

Lado, B., Barrios, P. G., Quincke, M., Silva, P., & Gutiérrez, L. (2016). Modeling genotype × environment interaction for genomic selection with unbalanced data from a wheat breeding program. *Crop Science*, *56*, 2165-2179. doi: 10.2135/cropsci2015.04.0207.

Lin, C. S., & Binns, M. R. (1988a). A method of analyzing cultivar × location × year experiment: A new stability parameter. *Theoretical & Applied Genetics*, *76*, 425-430. doi: 10.1007/BF00265344.

Lin, C. S., & Binns, M. R. (1988b). A superiority measure of cultivar performance for cultivar × location data. *Canadian Journal of Plant Science*, *68*(1), 193-198. doi: 10.4141/cjps88-022.

Lin, C. S., & Binns, M. R. (1991). Genetic properties of four types of stability parameters. *Theoretical & Applied Genetics*, *82*, 505-509. doi: 10.1007/BF00588606.

Lin, C. S., & Binns, M. R. (1994). Concepts and methods for analyzing regional trial data for cultivar and location selection. In: Janick, J. (Ed.). Plant Breeding Reviews. Vol. 12. pp. 271-297. doi: 10.1002/9780470650493.ch10.

Lin, C. S., Binns, M. R., & Lefkovitch, L. P. (1986). Stability analysis: Where do we stand? *Crop Science*, *26*(5), 894-900. doi: 10.2135/cropsci1986.0011183X002600050012x.

Macholdt, J., Piepho, H. P., & Honermeier, B. (2019). Mineral NPK and manure fertilisation affecting the yield stability of winter wheat: Results from a long-term field experiment. *European Journal of Agronomy*, *102*, 14-22. doi: 10.1016/j.eja.2018.11.003.

Mohammadi, R., & Amri, A. (2012). Analysis of genotype × environment interaction in rain-fed durum wheat of Iran using GGE-biplot and non-parametric methods. *Canadian Journal of Plant Science*, *92*, 757-770. doi: 10.4141/cjps2011-13.

Mooers, C. A. (1921). Agronomic placement of varieties. *Agronomy Journal*, *13*(9), 579-586. doi: 10.2134/agronj1921.00021962001300090003x.

Moreno-Gonzalez, J., Crossa, J., & Cornelius, P. L. (2004). Genotype × environment interaction in multi-environment trials using shrinkage factors for AMMI models. *Euphytica*, *137*, 119-127. 10.1023/B:EUPH.0000033841.05593.15.

Mortazavian, S. M., & Azizi-Nia, S. (2014). Nonparametric stability analysis in multi-environment trial of canola. *Turkish Journal of Field Crops*, *19*(1), pp. 108-117. 10.17557/tjfc.41390.

Moumeni, A., Mohaddesi, A., Amooughli-Tabari, M., Tavassoli-Larijani, F., & Khosravi, V. (2019). Stability analysis and genotype × environment interaction for grain yield of rice (*Oryza sativa* L.) promising breeding lines. *Iranian Journal of Crop Sciences*, *20*(4), 329-344. [In Persian]. dor: 20.1001.1.15625540.1397.20.4.5.4.

Nassar, R., & Hühn, M. (1987). Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. *Biometrics*, *43*(1), 45-53. doi: 10.2307/2531947.

Nassar, R., Léon, J., & Hühn, M. (1994). Tests of significance for combined measures of plant stability and performance. *Biometrical Journal*, *36*(1), 109-123. doi: 10.1002/bimj.4710360115.

Olivoto, T., Lúcio, A. D., da Silva, J. A., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. (2019). Mean performance and stability in multi-environment trials I: Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal*, *111*(6), 2949-2960. doi: 10.2134/agronj2019.03.0204.

Pauli, D., Chapman, S. C., Bart, R., Topp, C. N., Lawrence-Dill, C. J., Poland, J., & Gore, M. A. (2016). The quest for understanding phenotypic variation via integrated approaches in the field environment. *Plant Physiology*, *172*(2), 622-634. doi: 10.1104/pp.16.00592.

Perkins, J. M., & Jinks, J. L. (1968). Environmental and genotype-environmental components of variability. *Heredity*, *23*(3), 339-356. doi: 10.1038/hdy.1968.48.

Piepho, H. P., & Blancon, J. (2023). Extending Finlay–Wilkinson regression with environmental covariates. *Plant Breeding*, *142*(5), 621-631. doi: 10.1111/pbr.13130.

Pinthus, M. J. (1973). Estimate of genotypic value: A proposed method. *Euphytica*, *22*(1), 121-123. doi: 10.1007/BF00039055.

Plaisted, R. L. (1960). A shorter method for evaluating the ability of selections to yield consistently over locations. *American Potato Journal*, *37*, 166-172. doi: 10.1007/BF02855271.

Plaisted, R. L., & Peterson, L. C. (1959). A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. *American Potato Journal*, *36*, 381-385. doi: 10.1007/BF02852735.

Pour-Aboughadareh, A., Barati, A., Koohkan, S. A., Jabari, M., Marzoghian, A., Gholipoor, A., Shahbazi-Homonloo, K., Zali, H., Poodineh, O., & Kheirgo, M. (2022a). Dissection of genotype-by-environment interaction and yield stability analysis in barley using AMMI model and stability statistics. *Bulletin of the National Research Centre*, *46*(1), 19. doi: 10.1186/s42269-022-00703-5.

Pour-Aboughadareh, A., Khalili, M., Poczai, P., & Olivoto, T. (2022b). Stability indices to deciphering genotype-by-environment interaction (GEI) effect: An applicable review for use in plant breeding programs. *Plants*, *11*(3), 414. doi: 10.3390/plants11030414.

Raiger, H. L., & Prabhakaran, V. T. (2001). A study on the performance of a few non-parametric stability measures using pearl-millet data. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, *61*(1), 7-11.

Raiger, H. L., & Prabhakaran, V. T. (2000). A statistical comparison between non-parametric and parametric stability measures. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, *60*(4), 417-432.

Reyes-Herrera, P. H., Muñoz-Baena, L., Velásquez-Zapata, V., Patiño, L., Delgado-Paz, O. A., Díaz-Diez, C. A., & Cortés, A. J. (2020). Inheritance of rootstock effects in avocado (*Persea americana* Mill.) cv. Hass. *Frontiers in Plant Science*, *11*, 555071. doi: 10.3389/fpls.2020.555071.

Roemer, T. (1917). Sind die ertragsreichen Sorten ertragssicherer. *Mitteilungen der DLG*, *32*, 87-89. [In German].

Roy, D. (2000). Plant breeding analysis and exploitation of variation. Alpha Science International, UK.

Sabaghnia, N., Karimizadeh, R., & Mohammadi, M. (2012). The use of corrected and uncorrected nonparametric stability measurements in durum wheat multi-environmental trials. *Spanish Journal of Agricultural Research*, *10*(3), 722-730. doi: 10.5424/sjar/2012103-384-11.

Schlichting, C. D. (1986). The evolution of phenotypic plasticity in plants. *Annual Reviews of Ecological Systematics*, *17*, 667-693. doi: 10.1146/annurev.es.17.110186.003315.

Sharifi, P., Erfani, R., Mohadesi, A., Abbassian, A., Yousefi, M. M., Aminpanah, H., & Saeedi, M. (2020). Analysis of the stability of grain yield in some rice genotypes using parametric and non-parametric univariate methods. *Crop Production*, *13*(3), 85-106. [In Persian]. doi: 10.22069/ejcp.2021.17883.2315.

Shukla, G. K. (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity*, *29*(2), 237-245. doi: 10.1038/hdy.1972.87.

Silvey, V. (1981). The contribution of new wheat, barley and oat varieties to increasing cereal yield in England and Wales 1947-78. Journal of the National Institute of Agricultural Botany, 15, 399-412.

Singh, M., & Ceccarelli, S. (1995). Estimation of heritability using varietal trials data from incomplete blocks. *Theoretical & Applied Genetics*, *90*, 142-145. doi: 10.1007/BF00221008.

Soroush, H. R., & Rabiei, B. (2009). Evaluation of yield stability of rice genotypes in different locations of Guilan province. *Journal of Agricultural Knowledge*, *18*(4), 106-114. [In Persian].

Studinicki, M., Kang, M. S., Iwańska, M., Oleksiak, T., Wo´jcik-Grant, E., & Mądry, W. (2019). Consistency of yield ranking and adaptability patterns of winter wheat cultivars between multi-environmental trials and farmer surveys. *Agronomy*, *9*(5), 245. doi: 10.3390/agronomy9050245.

Syukur, M., Sujiprihati, S., Yunianti, R., & Kusumah, D. A. (2011). Parametric stability analysis for yield of chili pepper (*Capsicum annuum* L.). *Jurnal Agronomi Indonesia*, *39*(1), 31-37. doi: 10.24831/jai.v39i1.13185.

Taherian, M., Bihamta, M. R., Peyghambari, S. A., Alizadeh, H., & Rasoulnia, A. (2019). Stability analysis and selection of salinity tolerant barley genotypes. *Journal of Crop Breeding*, *11*(29), 93-103. doi: 10.29252/jcb.11.29.93.

Tai, G. C. C. (1971). Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. *Crop Science*, *11*(2), 184-190. doi: 10.2135/cropsci1971.0011183X001100020006x.

Tarinejad, A. (2016). Investigating the compatibility of bread wheat genotypes using Eberhart-Russell, simultaneous selection, bi-plot and non-parametric ranking methods. *Cereal Research*, *6*(4), 451-464. dor: 20.1001.1.22520163.1395.6.4.4.8.

Taudt, A., Tatche, M. C., & Johannes, F. (2016). Genetic sources of population epigenomic variation. *Nature Reviews Genetics*, *17*, 319-332. doi: 10.1038/nrg.2016.45.

Thennarasu, K. (1995). On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. Ph. D. Dissertation. PJ School IARI, New Delhi, India.

Tonosaki, K., Fujimoto, R., Dennis, E. S., Raboy, V., & Osabe, K. (2022). Will epigenetics be a key player in crop breeding? *Frontiers in Plant Science*, *13*, 958350. doi: 10.3389/fpls.2022.958350.

Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mehraban, A., Hossein-Pour, T., Mohammadi, R., Armion, M., & Dorri, M. (2018). The use of parametric and non-parametric measures for selecting stable and adapted barley lines. *Archives of Agronomy & Soil Science*, *64*(5), 597-611. doi: 10.1080/03650340.2017.1369529.

Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Mehraban, A., Hossein-Pour, T., Koohkan, E., Ghasemi, S., Moradkhani, H., & Siddique, A. H. M. (2019). Integrating different stability models to investigate genotype × environment interactions and identify stable and high-yielding barley genotypes. *Euphytica*, *215*, 63. doi: 10.1007/s10681-019-2386-5.

van Eeuwijk, F. A., Bustos-Korts, D. V., & Malosetti, M. (2016). What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype × environment interactions? *Crop Science*, *56*(5), 2119-2140. doi: 10.2135/cropsci2015.06.0375.

Witcombe, J. R., & Whittington, W. J. (1971). A study of the genotype-environment interaction shown by germinating seeds of *Brassica napus*. *Heredity*, *26*, 397-411. doi: 10.1038/hdy.1971.51.

Wricke, G. (1962). Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung*, *47*, 92-96. [In German].

Xu, Y. (2016). Envirotyping for deciphering environmental impacts on crop plants. *Theoretical & Applied Genetics*, *129*(4), 653-673. doi: 10.1007/s00122-016-2691-5.

Yan, W. (2016). Analysis and handling of G × E in a practical breeding program. *Crop Science*, *56*(5), 2106-2118. doi: 10.2135/cropsci2015.06.0336.

Yan, W., & Kang, M. S. (2002). GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. CRC Press, Boca Raton. doi: 10.1201/9781420040371.

Yates, F., & Cochran, W. G. (1938). The analysis of groups of experiments. *The Journal of Agricultural Science*, *28*(4), 556-580. doi: 10.1017/S0021859600050978.