



University of Guilan
Faculty of Agricultural Sciences

Cereal Research

Vol. 15, No. 2, Spring 2025 (199-232)

doi: 10.22124/CR.2025.29969.1858

pISSN: 2252-0163 eISSN: 2538-6115



REVIEW PAPER

OPEN ACCESS

A review of stability analysis methods in plant breeding with an emphasis on cereals, II: Multivariate approaches and future prospects

Nishtman Abdi¹, Mona Bordbar², Reza Darvishzadeh^{3*}, Babak Rabiei⁴, Hadi Alipour⁵, Somaieh Soufimalaky⁶, Hamid Hatami Maleki⁷ and Mitra Jabbari⁸

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, University of Saravan, Saravan, Iran

Comprehensive abstract

Introduction

In the field of cereal breeding, understanding the genotype×environment interaction (GEI) and the stability of various traits is recognized as the key to successfully producing high-quality agricultural products. GEI complicates the optimal selection of genotypes for target environments, making it essential to use appropriate statistical methods for analyzing and identifying stable and high-performing genotypes. Multivariate statistical methods are powerful tools for analyzing complex multi-environment trial (MET) data. Statistical methods such as cluster analysis (CA), principal component analysis (PCA), principal coordinate analysis (PCoA), factor analysis (FA), as well as additive main effects and multiplicative interaction (AMMI), genotype main effects and genotype×environment interaction biplot (GGE-Biplot), shifted multiplicative model (SHMM), and best linear unbiased prediction (BLUP) have been well used with high accuracy in analyzing MET data. In this study, multivariate statistical methods used in the analysis of GEI and genotypes stability from MET data and their advantages and disadvantages are reviewed. Moreover, the application of genome-wide association studies (GWAS), quantitative trait locus (QTL) analysis and QTL-environment interaction (QEI), and genomic prediction (GP) in the genetic analysis of stability, as well as the softwares used for calculating various multivariate stability methods, are introduced.

Research findings

The results of this study showed that the AMMI model, which combines analysis of variance and principal component analysis, has a high capability to evaluate main effects and interactions. Also, the GGE-Biplot method and various diagrams presented in this method effectively displays the main effects of genotype and its interaction with the environment. QTL analysis and the study of QEI in MET data also lead to the identification of linked markers to stability that can be used in molecular breeding of crop plants.



Conclusion

In the current study, multivariate methods used in GEI analysis were comprehensively and practically reviewed and introduced with the aim of better understanding GE interactions and identifying genotypes with broad adaptability and stable performance. The results of this study based on comprehensive studies showed that to make better decisions in selecting genotypes, it is necessary to consider all stability statistics, both univariate and multivariate, in the analysis of MET data. Recent advances in genomic technologies, including whole genome sequencing and GWAS, can significantly aid in understanding the complexities of GE and genetic of stability.

Keywords: AMMI, Genotype-environment interaction (GEI), GGE-biplot, GWAS

Received: February 26, 2025

Accepted: April 20, 2025

Cite this article:

Abdi, N., Bordbar, M., Darvishzadeh, R., Rabiei, B., Alipour, H., Soufimalaky, S., Hatami Maleki, H., & Jabbari, M. (2025). A review of stability analysis methods in plant breeding with an emphasis on cereals, II: Multivariate approaches and future prospects. *Cereal Research*, 15(2), 199-232. doi: [10.22124/CR.2025.29969.1858](https://doi.org/10.22124/CR.2025.29969.1858).



مروری بر روش‌های تجزیه پایداری در به‌نژادی گیاهی با تاکید بر غلات، ۲- رویکردهای چندمتغیره و چشم‌اندازهای آینده

نیستمان 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، دانشگاه سراوان، سراوان، ایران

چکیده جامع

مقدمه: در عرصه به‌نژادی غلات، درک برهمکنش ژنوتیپ × محیط (GEI) و پایداری صفات مختلف، به‌عنوان کلید موفقیت در تولید محصولات کشاورزی با کیفیت شناخته می‌شود. برهمکنش GE انتخاب بهینه ژنوتیپ‌ها برای محیط‌های هدف را پیچیده می‌کند. این موضوع نیاز به استفاده از روش‌های آماری مناسب جهت تجزیه و تحلیل GEI و شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و با عملکرد بالا را ضروری می‌سازد. روش‌های آماری چندمتغیره ابزار قدرت‌مندی برای تحلیل داده‌های پیچیده حاصل از آزمایش‌های چندمحیطی (MET; Multi-Environment Trials) هستند. روش‌هایی نظیر تجزیه خوشه‌ای (CA; Cluster Analysis)، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA; Principal Component Analysis)، تجزیه به مختصات اصلی (PCoA; Principal Coordinate Analysis)، تحلیل عاملی (FA; Factor Analysis) و همچنین مدل اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI)، بای‌پلات اثرات اصلی ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ × محیط (GGE-Biplot)، مدل ضرب‌پذیر تغییر یافته (SHMM; Shifted Multiplicative Model) و بهترین پیش‌بینی خطی نارایب (BLUP; Best Linear Unbiased Prediction) به‌خوبی و با دقت بالا در تحلیل داده‌های MET مورد استفاده قرار گرفته‌اند. در این مطالعه، ضمن بررسی روش‌های آماری چندمتغیره و بیان مزیت‌ها و معایب آن‌ها در تجزیه و تحلیل برهمکنش ژنوتیپ × محیط و ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها، کاربرد تحلیل ارتباط در گستره ژنوم (GWAS; Genome-Wide Association Studies)، تجزیه QTL (Quantitative Trait Locus) و برهمکنش QTL با محیط (QEI; QTL-Environment Interaction) و پیش‌بینی ژنومی (GP; Genomic Prediction) در تجزیه ژنتیک پایداری و همچنین نرم‌افزارهای مورد استفاده برای ارزیابی این روش‌ها تحلیل خواهند شد.

یافته‌های تحقیق: نتایج این مطالعه نشان داد که مدل AMMI با ترکیب تحلیل واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، توانایی بالایی در ارزیابی اثرات اصلی و برهمکنش‌ها دارد. همچنین، روش GGE-Biplot و نمودارهای گوناگونی که در این روش ارائه می‌شود، به‌طور مؤثری اثرات اصلی ژنوتیپ و برهمکنش آن با محیط را به‌نمایش می‌گذارد. تجزیه QTL و بررسی برهمکنش QTL با محیط در داده‌های MET نیز منجر به شناسایی نشانگرهای پیوسته با پایداری می‌شود که می‌توان از آن‌ها در اصلاح مولکولی گیاهان زراعی استفاده کرد.

نتیجه‌گیری: در این مطالعه، به‌طور جامع و کاربردی روش‌های چندمتغیره مورد استفاده در تحلیل GEI با هدف درک بهتر تعاملات GE و شناسایی ژنوتیپ‌های با سازگاری گسترده و عملکرد پایدار مورد بررسی و تحلیل قرار گرفتند. نتایج این مطالعه بر اساس بررسی‌های جامع انجام شده نشان داد که به‌منظور تصمیم‌گیری بهتر در انتخاب ژنوتیپ‌ها، لازم است تمامی آماره‌های پایداری اعم از تک‌متغیره و چندمتغیره در تجزیه داده‌های MET مورد توجه قرار گیرند. پیشرفت‌های اخیر در فناوری‌های ژنومیک، از جمله توالی‌یابی کل ژنوم و GWAS نیز می‌توانند به‌طور قابل توجهی به درک پیچیدگی‌های GE و ژنتیک پایداری کمک کنند.

واژه‌های کلیدی: اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI)، بای‌پلات GGE، برهمکنش ژنوتیپ × محیط، تحلیل ارتباط در گستره ژنوم (GWAS)

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، ۲- تحقیقات غلات، ۱۵(۲)، ۲۳۲-۱۹۹. doi: [10.22124/CR.2025.29969.1858](https://doi.org/10.22124/CR.2025.29969.1858)

مقدمه

در عرصه به‌نژادی غلات، درک عمیق از تعاملات ژنوتیپ × محیط (GEI) و پایداری صفات مختلف به‌عنوان کلید موفقیت در به‌نژادی و تولید محصولات کشاورزی با کیفیت شناخته می‌شود. روش‌های تک‌متغیره، هر چند که بینش‌های ارزش‌مندی در باره پایداری صفات تک‌بعدی ارائه می‌دهند، اما به دلیل محدودیت‌های ذاتی خود، قادر به درک پیچیدگی‌های چندبعدی GEI و روابط میان ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها نیستند. این روش‌ها معمولاً به جنبه‌های فردی پایداری می‌پردازند و تصویر کاملی از پاسخ‌های ژنوتیپی ارائه نمی‌دهند. به‌عنوان مثال، یک ژنوتیپ ممکن است در ابعاد مختلف پایداری به‌طور متفاوت ارزیابی شود و جمع‌بندی این ارزیابی‌ها به یک نتیجه واحد، یک چالش بزرگ باشد (Roy, 2012).

تحلیل‌های چندمتغیره به‌عنوان یک راه‌کار مؤثر برای شفاف‌سازی روابط و وابستگی‌های متقابل بین صفات مختلف معرفی شده‌اند. این روش‌ها نه تنها همبستگی‌های موجود بین متغیرها را در نظر می‌گیرند، بلکه می‌توانند با گروه‌بندی لاین‌ها یا وارسته‌هایی که به‌طور مشابه پاسخ می‌دهند، تعداد مقایسات لازم را کاهش دهند. از این‌رو، تحلیل چندمتغیره به شناسایی محیط‌های مناسب برای آزمایش‌ها نیز کمک شایانی می‌کند (Achenef, 2022). داده‌های چندمتغیره در آزمایش‌های به‌نژادی رایج هستند و استفاده از اطلاعات مربوط به صفات متعدد برای تصمیم‌گیری بهتر در انتخاب ژنوتیپ‌ها بسیار حیاتی است. با این‌حال، شناسایی ژنوتیپ‌هایی که عملکرد بالایی را در ترکیب چندین صفت نشان می‌دهند، به‌عنوان چالشی بزرگ باقی مانده است. شاخص‌های انتخاب چندصفتی خطی کلاسیک، با وجود مشکلاتی نظیر چندخطی بودن و انتخاب اختیاری ضرایب وزن‌دهی، ممکن است به نتایج غیرمؤثر منجر شوند. از این‌رو، نیاز به رویکردهای نوین برای انتخاب ژنوتیپ بر اساس صفات متعدد بیش از پیش احساس می‌شود (Olivoto & Nardino, 2021).

با پیشرفت فناوری‌های محاسباتی و ظهور نرم‌افزارهای آماری پیشرفته، روش‌های چندمتغیره به‌عنوان ابزارهای قدرتمند برای تجزیه و تحلیل داده‌های پیچیده GEI معرفی شده‌اند (Hatami Maleki et al., 2024a, b). 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). این مطالعه،

به بررسی نقش مؤثر روش‌های چندمتغیره و راهبردهای نوظهور در تحلیل GEI و ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های به‌نژادی غلات می‌پردازد. به‌طور خلاصه این مطالعه با اهداف زیر انجام شد: ۱- جمع‌آوری و ارزیابی مدل‌ها و روش‌های آماری چندمتغیره مختلف مورد استفاده در تجزیه و تحلیل GEI، ۲- معرفی نرم‌افزارهای کاربردی برای محاسبه آمارهای پایداری، ۳- بررسی پیشرفت‌های اخیر در فناوری‌های ژنومیک و تأثیر آن‌ها بر درک پیچیدگی‌های GEI، ۴- مقایسه مدل‌ها و روش‌های مختلف ارزیابی پایداری در مطالعات به‌نژادی غلات.

آماره‌های چند متغیره

آماره‌های چندمتغیره شامل دامنه وسیعی از روش‌ها هستند که از جمله آن‌ها می‌توان به تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) (Gower, 1967)، تجزیه خوشه‌ای (Mungomery et al., 1974)، تجزیه به عامل‌ها (Meyer, 2009) و ... اشاره کرد. بر این اساس، روش‌های تجزیه پایداری مختلفی بر پایه روش‌های آماری چندمتغیره توسعه یافته‌اند که می‌توان به تجزیه اثرات اصلی جمع‌پذیر و تعامل ضرب‌پذیر (AMMI) (Gauch, 1988) و Zobel, 1988)، بای‌پلات اثرات اصلی ژنوتیپ به‌اضافه تعامل ژنوتیپ و محیط (GGE-Biplot) (Yan, 2001)، شاخص FAI-BLUP (Rocha et al., 2018) و شاخص میانگین وزنی پایداری و عملکرد بر اساس بهترین عملکرد (WAASBY) (Olivoto et al., 2019a) اشاره کرد.

۱. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA)

روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یکی از قدیمی‌ترین و شناخته‌شده‌ترین تکنیک‌های تحلیل داده‌های چندمتغیره است که هدف اصلی آن کاهش ابعاد داده‌ها بدون از دست دادن اطلاعات کلیدی است (Zobel et al., 1988). این روش زمانی کارآمد است که بین متغیرهای اصلی همبستگی خطی معنی‌داری وجود داشته باشد. در واقع، در PCA، مجموعه‌ای از متغیرهای همبسته به تعداد کم‌تری متغیرهای غیرهمبسته به نام مؤلفه‌های اصلی تبدیل می‌شوند. این مؤلفه‌ها که توابع خطی از متغیرهای اولیه (اصلی) هستند، به گونه‌ای تهیه می‌شوند که مجموع واریانس‌های مؤلفه‌های اصلی برابر با متغیرهای اولیه باشد. مؤلفه‌های اصلی به ترتیب بر حسب واریانس کل داده‌ها مرتب می‌شوند، به طوری که اولین مؤلفه اصلی، بالاترین واریانس را توصیف می‌کند و در نتیجه بیش‌ترین اطلاعات

با استفاده از فاصله اقلیدوسی در آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد برای اولین بار توسط هانسون (Hanson, 1970) پیشنهاد شد. لین و تامسون (Lin & Thompson, 1975) یک معیار فاصله بر اساس رگرسیون ساده پیشنهاد کردند. در این روش‌ها، گروه‌بندی بر اساس شباهت در شیب خط رگرسیون و عرض از مبدا انجام می‌شود. لین و باتلر (Lin & Butler, 1990) اظهار کردند که برای انجام تجزیه خوشه‌ای به همراه تجزیه واریانس و آزمون F قبل از انجام تجزیه، تشکیل ماتریس شاخص عدم تشابه ضروری است. آن‌ها با استفاده از مشاهدات سایر محققان اثرات ژنوتیپی و برهمکنش ژنوتیپ و محیط را محاسبه و ژنوتیپ‌ها را به چهار روش زیر گروه‌بندی کردند: ۱- بر اساس مدل رگرسیون و مشابهت شیب خط رگرسیون و محل تقاطع خط رگرسیون با محور Y، ۲- بر اساس مدل رگرسیون و مشابهت شیب خط رگرسیون، ۳- بر اساس تجزیه واریانس و میزان مشابهت ژنوتیپ‌ها و برهمکنش ژنوتیپ و محیط، ۴- بر اساس تجزیه واریانس و مشابهت برهمکنش ژنوتیپ و محیط. تعیین تعداد خوشه‌های مطلوب و قابل قبول در این تحلیل، تأثیر زیادی بر نتایج دارد. برش دندروگرام در نقطه‌ای مناسب، به شناسایی گروه‌های واقعی کمک می‌کند. یک خوشه زمانی مورد قبول است که فاصله ژنتیکی درون خوشه‌ای (فاصله بین اعضای یک خوشه) کم‌تر از میانگین کل فاصله ژنتیکی و همچنین فاصله ژنتیکی بین دو خوشه (فاصله بین خوشه‌های مختلف) بیش‌تر از فاصله درون خوشه‌ای آن‌ها باشد. لین و باتلر (Lin & Butler, 1990) چندین روش آزمون F و شاخص را برای تعیین نقطه قطع در فرایند خوشه‌بندی تعریف کردند.

۳. روش تحلیل عاملی (FA)

تجزیه به عامل‌ها، که به عنوان تحلیل عاملی نیز شناخته می‌شود، یک روش آماری چندمتغیره است که به شناسایی و توضیح روابط پیچیده و همبستگی‌های موجود در میان مجموعه‌ای از متغیرهای مشاهده‌شده کمک می‌کند. این روش به کمک تعداد کم‌تری از عوامل (عوامل نهفته و فرضی) که به طور معمول ترکیب خطی از متغیرهای مشاهده‌شده هستند، ساختارهای پنهان موجود در داده‌ها را مدل‌سازی می‌کند. این روش را می‌توان به عنوان روش توسعه یافته‌ای از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در نظر گرفت. هر دو روش عمدتاً برای تقریب ماتریس کوواریانس مشاهدات و کاهش ابعاد داده‌ها استفاده

موجود در داده‌ها را در خود جای می‌دهد. معمولاً تنها چند مؤلفه اول قادر به توضیح بخش عمده‌ای از واریانس داده‌ها هستند که این امر باعث کاهش ابعاد مجموعه داده اصلی می‌شود. مقادیر مؤلفه‌های اصلی را می‌توان از طریق معادلات زیر به دست آورد (Zobel *et al.*, 1988):

$$PC1 = a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \dots + a_{1n}x_n = \sum_{j=1}^n a_{1j}x_j \quad (۱)$$

$$PC2 = a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \dots + a_{2n}x_n = \sum_{j=1}^n a_{2j}x_j$$

که در آن، $x_1, x_2, \dots, x_n$ متغیرهای اولیه و ضرایب بردارهای ویژه هستند که از ماتریس کوواریانس یا همبستگی مجموعه داده‌ها استخراج می‌شوند. برای این منظور، ابتدا مقادیر ویژه ماتریس کوواریانس یا همبستگی با استفاده از رابطه (۲) محاسبه می‌شود:

$$|C - \lambda I| = 0 \quad (۲)$$

که در آن، C ماتریس همبستگی یا کوواریانس متغیرهای اصلی، λ مقدار ویژه، I ماتریس واحد و علامت ...! بیانگر دترمینان است. مقادیر ویژه همان واریانس مؤلفه‌های اصلی هستند. سپس ضرایب a_{ij} (یا وزن‌های متغیرها در مؤلفه‌های اصلی) با استفاده از رابطه (۳) محاسبه می‌شوند:

$$|C - \lambda I|a_{ij} = 0 \quad (۳)$$

۲. تجزیه خوشه‌ای

جانسون و ویچرن (Johnson & Wichern, 1992) در یک آزمایش نشان دادند که با داشتن داده‌های مربوط به n فرد و اندازه‌گیری p متغیر برای هر فرد، می‌توان افراد را به گونه‌ای گروه‌بندی کرد که افراد مشابه‌تر در یک گروه قرار گیرند. این روش می‌تواند در کاهش ابعاد داده‌ها مفید باشد. تجزیه و تحلیل خوشه‌ای (کلاستر) با روش‌های مختلفی قابل اجرا است، اما لزوماً نتایج یکسانی به دست نمی‌دهند. این فرآیند می‌تواند با روش‌هایی نظیر ادغام نزدیک‌ترین همسایه‌ها، ادغام دورترین همسایه‌ها، ادغام بر اساس میانگین گروه‌ها، روش حداقل واریانس وارد (Ward) و سایر روش‌ها انجام شود. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای معمولاً به صورت دندروگرام نمایش داده می‌شود. در زمینه اندازه‌گیری تشابه، دو رویکرد، تک‌معیاری و چندمعیاری، وجود دارد (Lin & Butler, 1990). روش‌های تک‌معیاری به چهار دسته تقسیم می‌شوند که شامل، ۱- فاصله اقلیدوسی (d)، ۲- فاصله استاندارد شده (ds)، ۳- شاخص عدم تشابه (D) و ۴- ضریب همبستگی (r) هستند. استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها

می‌شوند. با این حال، تفاوت‌های عمده‌ای بین این دو وجود دارد. در حالی که تحلیل عاملی به شناسایی عوامل پنهانی می‌پردازد که روابط نهفته و پنهان میان متغیرها را توضیح می‌دهند، روش PCA بیش‌تر بر شناسایی مؤلفه‌هایی متمرکز است که بیش‌ترین واریانس داده‌ها را توصیف می‌کنند (Devi et al., 2024). در واقع، تحلیل عاملی بر این فرض استوار است که اگر متغیرهای یک گروه خاص به‌طور شدید با یکدیگر همبسته باشند، اما همبستگی کم‌تری با متغیرهای گروه دیگر داشته باشند، می‌توان فرض کرد که هر گروه نمایانگر یک عامل زیرین مشترک است. این عوامل؛ به‌عنوان متغیرهای مصنوعی و فرضی، از ترکیب چند متغیر مشابه به‌دست می‌آیند و می‌توانند توضیح‌دهنده بسیاری از تغییرات موجود در داده‌ها باشند (Devi et al., 2024). به‌طور کلی، تحلیل عاملی (FA) روشی آماری برای ساده‌سازی روابط پیچیده بین متغیرهاست. این روش زمانی بهترین عملکرد را دارد که همبستگی بین متغیرها نسبتاً یکسان باشد. FA با استفاده از تعداد کمی عامل (m)، ساختار همبستگی بین تعداد بیش‌تری از متغیرها (q) را به‌طور کارآمد خلاصه می‌کند. این روش برای داده‌هایی با اندازه‌گیری‌های تکراری در شرایط مختلف (مانند برهمکنش ژنوتیپ و محیط در METها) مناسب است و جایگزین خوبی برای مدل‌های رگرسیون تصادفی می‌باشد. برخلاف برخی مدل‌های دیگر، FA نیازی به متغیر کنترل پیوسته ندارد و بر فرض تغییرات یکنواخت در صفات استوار نیست و این باعث انعطاف‌پذیری بیش‌تر آن می‌شود (Meyer, 2009). به‌طور خلاصه، FA ابزاری قدرتمند برای تجزیه و تحلیل داده‌های پیچیده با روابط نسبتاً یکنواخت بین متغیرها است. برای محاسبه آن، فرض کنید w برداری شامل q متغیر تصادفی با ماتریس کواریانس Σ باشد. در این صورت مدل w به‌صورت زیر نوشته می‌شود:

$$w = \mu + \Gamma c + s \quad (4)$$

که در آن، μ بردار میانگین‌ها، c بردار عوامل مشترک به‌طول m (که واریانس واحد دارند، یعنی $\text{Var}(c) = I$ ، s بردار باقیمانده‌ها یا اثرات ویژه به‌طول q (که واریانس‌های ناهمگن دارند)، و Γ ماتریسی به ابعاد $m \times q$ از بارهای عاملی است. در متداول‌ترین شکل تحلیل عاملی، ستون‌های Γ با یکدیگر همبستگی ندارند، یعنی ضرب داخلی آن‌ها برابر با صفر است. ماتریس کواریانس w تحت مدل FA به‌صورت زیر است:

$$\text{Var}(w) = \Sigma_{FA} = \Gamma' \Gamma + \Psi \quad (5)$$

که در آن، Σ_{FA} ماتریس کواریانس w تحت مدل تحلیل عاملی، $\Gamma' \Gamma$ ماتریس کواریانس ناشی از عوامل مشترک و Ψ ماتریس قطری واریانس‌های ویژه است (Meyer, 2009).

۴. روش تجزیه واکنش ژنوتیپی

تجزیه پاسخ ژنوتیپی به بررسی و شناسایی الگوهای تکرارشونده در داده‌ها می‌پردازد و احتمال پایداری ماندن یک فرآیند را طی زمان ارزیابی می‌کند. به‌عبارت دیگر، تحلیل الگو به شناسایی خودکار الگوها در داده‌ها مربوط می‌شود. این الگوها می‌توانند شامل هر نوع رابطه، نظم یا ساختار ذاتی در منابع داده باشند. به عبارت دیگر، تجزیه واکنش ژنوتیپی با استفاده از ترکیبی از روش‌های آماری به تحلیل عملکرد ژنوتیپ‌های مختلف در شرایط محیطی گوناگون می‌پردازد. این روش به‌طور اساسی برهم‌کنش پیچیده بین ژنوتیپ و محیط را به‌صورت بصری نمایش می‌دهد (Crossa, 1990; Jobson, 1992; Hayward et al., 1993). این تحلیل از روش‌های طبقه‌بندی (مانند تجزیه خوشه‌ای) و ترتیب‌دهی (مانند تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه به بردارهای اصلی، تجزیه تطابقی و تجزیه به عامل‌ها) بهره می‌برد و شامل مراحل زیر است:

الف- روش‌های ترتیب‌دهی: این روش‌ها برای کاهش ابعاد داده‌ها و نمایش آن‌ها در فضایی با ابعاد کم‌تر استفاده می‌شوند، به‌طوری که حداکثر تغییرات داده‌ها حفظ شود. برخی از مهم‌ترین روش‌های ترتیب‌دهی عبارتند از: ۱- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA)؛ این روش با استفاده از ماتریس مشاهدات که سطرهای آن ژنوتیپ‌ها و ستون‌ها متغیرهای اندازه‌گیری‌شده (مانند عملکرد، ارتفاع و غیره) هستند، مؤلفه‌های اصلی را شناسایی می‌کند. مؤلفه‌های اصلی، متغیرهای جدید مستقل از هم هستند و حداکثر واریانس داده‌ها را در بر می‌گیرند. PCA از تجزیه مقادیر منفرد (SVD; Singular Value Decomposition) ماتریس مشاهدات استفاده می‌کند. PCA بر اساس تجزیه مقادیر منفرد (SVD) عمل می‌کند و تمرکز اصلی آن روی اندازه و ابعاد داده‌ها است (Jolliffe, 1986). ۲- تجزیه به مختصات اصلی (PCoA): مشابه PCA است، اما به‌جای ماتریس داده‌های خام، از ماتریس فاصله یا شباهت بین ژنوتیپ‌ها استفاده می‌کند. ۳- تجزیه تطابقی (CA; Correspondence Analysis): این روش برای تحلیل جدول‌های توافقی استفاده می‌شود که نشان‌دهنده فراوانی ترکیبات دو متغیر کیفی مانند ژنوتیپ و محیط هستند.

داده‌ها در قالب یک جدول عددی مثبت سازماندهی می‌شوند که ردیف‌های آن شامل مشاهدات یا ژنوتیپ‌ها و ستون‌های آن شامل متغیرها یا محیط است. این جدول به صورت K_{ij} ($i = 1, \dots, n, j = 1, \dots, p$) نمایش داده می‌شود، جایی که n تعداد مشاهدات و p تعداد متغیرها است. CA به دنبال قرار دادن ردیف‌ها و ستون‌ها در یک فضای مشترک با ابعاد کم (معمولاً دو یا سه بُعد) است که بیش‌ترین اطلاعات موجود در داده‌ها را شامل می‌شود. این کار با استفاده از ترکیب خطی متغیرها انجام می‌شود. در واقع هر عامل یک ترکیب خطی از متغیرها است که بیش‌ترین تغییرپذیری را در داده‌ها توضیح می‌دهد. اولین عامل بیش‌ترین تغییرپذیری را نشان می‌دهد، دومین عامل به تغییرپذیری بعدی مربوط می‌شود و به همین ترتیب ادامه می‌یابد. معمولاً فقط چند عامل اولیه که بیش‌ترین تغییرپذیری را توضیح می‌دهند، برای تفسیر نتایج مورد توجه قرار می‌گیرند. CA امکان نمایش مشترک مشاهدات و متغیرها را در یک فضای چندبُعدی فراهم می‌کند. نزدیکی بین مشاهدات یا بین متغیرها نشان‌دهنده شباهت است، در حالی که نزدیکی بین مشاهدات و متغیرها به عنوان روابط معنی‌دار تفسیر می‌شود (Tekaia, 2016). CA نیز از SVD استفاده می‌کند و برخی از محققان آن را مورد خاصی از PCA می‌دانند، در حالی که این روش به طور خاص برای تجزیه و تحلیل روابط بین مشاهدات و متغیرها (یا اثرات متقابل) طراحی شده است و به طور هم‌زمان هر دو را در یک فضای مشترک نمایش می‌دهد، اما PCA بیش‌تر برای کاهش ابعاد داده‌ها و شناسایی الگوهای پنهان در داده‌های عددی بدون توجه به ارتباط مستقیم بین مشاهدات و متغیرها استفاده می‌شود (Tekaia, 2016). این روش نیز یک نمودار دوبُعدی (Biplot) تولید می‌کند، که محورهای مشاهدات و متغیرها را به صورت هم‌زمان در یک فضای مشترک نمایش می‌دهند و امکان تفسیر روابط معنی‌دار را فراهم می‌کنند (Tekaia, 2016).

ب- روش‌های طبقه‌بندی: این روش‌ها ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها را بر اساس شباهت آن‌ها به گروه‌های مختلف تقسیم می‌کنند. روش‌های خوشه‌بندی (K-means، سلسله مراتبی، ...) از جمله این روش‌ها است که در آن‌ها داده‌ها به گروه‌های مجزا تقسیم می‌شوند. این روش فرض می‌کند که داده‌ها ناپیوسته و به گروه‌های مجزا تعلق دارند. ج- ترکیب روش‌های ترتیب‌دهی و طبقه‌بندی: در تجزیه واکنش ژنوتیپی، معمولاً از هر دو روش ترتیب‌دهی و طبقه‌بندی به طور هم‌زمان استفاده می‌شود. روش‌های

ترتیب‌دهی مانند PCA و CA، نمایش بصری از روابط کلی بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها فراهم می‌آورند و منابع اصلی تغییرات را برجسته می‌کنند، در حالی که روش‌های طبقه‌بندی به شناسایی گروه‌های مشابه از ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها کمک می‌کنند. بنابراین، یک دید کلی و جامع از برهمکنش ژنوتیپ و محیط حاصل می‌شود. به طور خلاصه، این ترکیب به ما کمک می‌کند تا داده‌های پیچیده، الگوها و روابط مهم شناسایی و در گروه‌هایی سازماندهی شوند.

د- نمایش بصری نتایج: نتایج این تحلیل‌ها اغلب به صورت گرافیکی نمایش داده می‌شوند تا روابط پیچیده بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به طور واضح‌تری مشاهده شوند. برخی از روش‌های متداول نمایش بصری عبارت‌اند از: نمودارهای دوبُعدی: این نمودارها ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را در فضایی با ابعاد کم‌تر نشان می‌دهند و این امکان را فراهم می‌کنند که روابط میان آن‌ها به طور بصری نمایش داده شوند (Jolliffe, 1986). نقشه‌های فیتوژئوگرافی: در این نقشه‌ها، مکان‌ها و محیط‌ها در فضای چندبُعدی نمایش داده می‌شوند، به طوری که هر بُعد نشان‌دهنده یک ژنوتیپ است. نمودارهای پراکندگی: این نمودارها به صورت بصری ارتباط بین مکان‌ها را نشان می‌دهند. فاصله بین دو نقطه (مکان) در این نمودارها، برابر با طول خط مستقیم بین آن‌ها است و فاصله‌ها نشان‌دهنده شباهت‌های موجود میان مکان‌ها هستند (Jolliffe, 1986).

۵. تجزیه به مختصات اصلی (PCoA)

تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) یکی از روش‌های چندمتغیره است که به طور خاص برای تجزیه و تحلیل پایداری مورد استفاده قرار می‌گیرد. این روش توسط وستکات (Westcott, 1986) برای ارزیابی پایداری معرفی شد. در واقع، PCoA تعمیم روش PCA است که در آن از شباهت بین ژنوتیپ‌ها برای کنترل برهمکنش ژنوتیپ و محیط استفاده می‌شود. این روش برای حذف اثرات محیطی نیز مناسب است. برای این کار، فاصله اقلیدسی هر محیط محاسبه و سپس از تجزیه به مختصات اصلی استفاده می‌شود. PCoA گاهی به نام "روش مقیاس‌بندی کلاسیک" نیز شناخته می‌شود (Zuur et al., 2007; Manly et al., 2024). این روش برای بررسی برهمکنش ژنوتیپ و محیط در مناطقی با ویژگی‌های متفاوت (مانند مناطق حاصل‌خیز و کم‌محصول) کاربردی است. نکته مهم این است که استفاده از این روش به تعداد ژنوتیپ‌ها در آزمایش وابسته نیست و به طور کلی، یک روش چندمتغیره

است که روابط داده‌ها را به صورت هندسی در ابعاد مختلف نمایش می‌دهد.

برای استفاده از PCoA، ابتدا دو نوع چرخه با عملکرد کم‌تر از میانگین کل (L) و بیش‌تر از میانگین کل (H) در نظر گرفته می‌شود. در چرخه L، محیط‌هایی که عملکردشان کم‌تر از میانگین کل است، به ترتیب وارد چرخه می‌شوند و سپس ماتریس تشابه ژنوتیپ‌ها با استفاده از رابطه (۶) محاسبه می‌شود (Flores *et al.*, 2016). در چرخه H نیز محیط‌هایی که عملکردشان بیش‌تر از میانگین کل است، به همین ترتیب وارد چرخه می‌شوند. این روند تا چرخه n برای همه محیط‌ها ادامه می‌یابد. n برابر با تعداد محیط‌هایی است که عملکرد آن‌ها کم‌تر یا بیش‌تر از میانگین کل است. در هر چرخه محاسباتی با استفاده از ماتریس تشابه، یک نمودار دوبعدی ایجاد می‌شود که مختصات اول و دوم هر ژنوتیپ را روی صفحه مختصات نمایش می‌دهد. شباهت ژنتیکی بین دو ژنوتیپ x و y در محیط $[S_i(x,y)]$ با استفاده از رابطه (۶) محاسبه می‌شود:

$$S_i(x,y) = \frac{(H_i - (x_i + y_i)/2)}{(H_i - L_i)} \quad (6)$$

که در آن، H و L به ترتیب بیش‌ترین و کم‌ترین میانگین عملکرد ژنوتیپی در محیط x_i و y_i به ترتیب میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های x و y در محیط λ_m هستند. زمانی که تعداد محیط‌ها بیش‌تر از یک باشد، شباهت بین x و y در هر چرخه از میانگین $[S_i(x,y)]$ در محیط‌های مربوط به آن چرخه محاسبه می‌شود. در روش تجزیه به مختصات اصلی، فقط از مختصات اصلی اول و دوم استفاده می‌شود که ممکن است منجر به از دست دادن اطلاعات شود، زیرا سایر محورها نادیده گرفته می‌شوند. برای رفع این مشکل، می‌توان از روش درخت با حداقل شاخه (MST; Minimum Spanning Tree) استفاده کرد. در این روش، ژنوتیپ‌هایی که بیش‌ترین شباهت را در ماتریس شباهت دارند، در مرکز نمودار قرار می‌گیرند و تمام شاخه‌ها به مرکز نمودار متصل می‌شوند. برای شناسایی بهتر ژنوتیپ‌هایی که در بعد سوم صفحه مختصات قرار دارند، می‌توان از فواصل مرکزی به دست آمده از تجزیه استفاده کرد. ژنوتیپ‌های مطلوب و پایدار در این روش، آن‌هایی هستند که طی چرخه‌های مختلف تجزیه به مختصات اصلی، دورتر از مرکز نمودار قرار می‌گیرند (Asghari *et al.*, 2019; Taghizadeh *et al.*).

(al., 2020). برای تجزیه داده‌ها و ترسیم نمودارها می‌توان از نرم‌افزارهای SAS و یا Genstat استفاده کرد.

روش‌های پایداری مبتنی بر تجزیه‌های چند متغیره

۱- مدل ضرب پذیر تغییر یافته (SHMM)

مدل SHMM برای گروه بندی ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها معرفی شده است (Seyedsadr & Cornelius, 1992). این روش قابلیت بالایی در تشخیص برهمکنش‌های غیرمقطوع دارد (Yan & Kang, 2003). با استفاده از مدل SHMM و رسم نمودار خوشه‌ای به روش پیوستگی کامل بر اساس شاخص فاصله، این امکان برای تحلیل گر فراهم می‌شود که گروه‌هایی از محیط‌ها را شناسایی کند که در آن‌ها برهمکنش باعث تغییر رتبه ژنوتیپ‌ها نمی‌شود (Crossa *et al.*, 1993). از ویژگی‌های برجسته این روش، توانمندی آن در کار با تعداد زیادی از محیط‌ها یا ژنوتیپ‌ها است.

مدل تجزیه SHMM به منظور بررسی برهمکنش ژنوتیپ $\times$ محیط با N مؤلفه ضرب پذیر به صورت زیر است:

$$\bar{Y}_{ij} = \beta \sum_{n=1}^N \lambda_n \gamma_{in} \delta_{jn} + \rho_{ij} \quad (7)$$

در یک جدول دوطرفه با g ژنوتیپ و e محیط، $\bar{Y}_{ij}$ میانگین عملکرد ژنوتیپ λ_m در محیط λ_m ، β پارامتر تغییر، λ_n مقدار منفرد برای n امین مؤلفه، γ_{in} و δ_{jn} به ترتیب اثرات اولیه و γ_{i2} و δ_{j2} اثرات ثانویه ژنوتیپ λ_m و محیط λ_m و ρ_{ij} باقیمانده‌ای است که قابل توضیح توسط مؤلفه‌های اولیه، ثانویه و سایر مؤلفه‌ها نمی‌باشد. برای انجام تجزیه SHMM می‌توان از نرم‌افزار SAS استفاده کرد.

۲- روش‌های تجزیه بای پلات

۲-۱- روش AMMI

روش AMMI (اثرات اصلی جمع پذیر و برهمکنش ضرب پذیر)، ابتدا با تحلیل واریانس (ANOVA) روی داده‌های ورودی، اثرات اصلی ژنوتیپ و محیط را بررسی می‌کند. سپس، باقیمانده‌های حاصل از این تحلیل که نمایانگر تعاملات بین ژنوتیپ و محیط هستند، با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) بررسی می‌شوند (جدول ۱). بنابراین، مدل AMMI ابزار مناسب تری برای تحلیل GEI در MET‌ها است، زیرا نه تنها تخمینی از اثر GEI را برای هر ژنوتیپ ارائه می‌دهد، بلکه این اثر را به تعاملات ناشی از محیط‌های منفرد نیز تقسیم می‌کند (Gauch, 1992).

جدول ۱- جدول تجزیه پایداری با استفاده از مدل AMMI
Table 1. Stability analysis table using the AMMI model

Sources of variation	Degrees of freedom	Sum of squares
Treatment	$ge - 1$	SS_T
Genotype (G)	$g - 1$	SS_G
Environment (E)	$e - 1$	SS_E
G × E Interaction	$(g-1)(e - 1)$	SS_{GE}
IPCA1	$V_1 = g + e - 1 - (2 \times 1)$	$n\lambda_1$
IPCA2	$V_1 = g + e - 1 - (2 \times 2)$	$n\lambda_2$
⋮	⋮	⋮
IPCA _n	$V_s = g + e - 1 - (2 \times n)$	$n\lambda_s$
Noise	$(g - 1)(e - 1) - \sum_{i=1}^n v_i$	$SSGA - \sum_{i=1}^n n\lambda_i$
Replication	$r - 1$	SS_r
Error	$(r - 1)(ge - 1)$	SS_{Error}
Total	$ger - 1$	SS_{Total}

صورت p_{ij} می‌ماند. در صورتی که آزمایش تکرار شده باشد، عبارت خطا ε_{ij} نیز وجود خواهد داشت. پارامترهای ضرب‌پذیر مدل AMMI شامل λ_n به‌عنوان مقدار ویژه مربوط به محور مؤلفه اصلی n ام، γ_{in} به‌عنوان بردار ویژه ژنوتیپی و δ_{jn} به‌عنوان بردار ویژه محیطی برای n مین مؤلفه اصلی برهمکنش هستند (Ferreira *et al.*, 2006). انواع مختلفی از مدل AMMI وجود دارند که با استفاده از مؤلفه‌های مختلف IPCA مشخص می‌شوند: AMMI1 برای اولین مؤلفه، AMMI2 برای دومین مؤلفه، و ... به همین ترتیب برای تعداد بیش‌تر مؤلفه‌ها. در بای‌پلات AMMI1، محور افقی نشان‌دهنده اثرات اصلی جمع‌پذیر یا میانگین عملکرد و محور عمودی نشان‌دهنده برهمکنش ضربی یا مقادیر اولین مؤلفه اصلی یعنی ضریب عامل‌ها است. در بای‌پلات مذکور، دو جفت از داده‌ها روی محورهای نمایش داده می‌شوند. بر اساس این بای‌پلات، ژنوتیپ‌ها یا محیط‌هایی که تقریباً روی یک خط عمود قرار دارند، میانگین‌های مشابه و آن‌هایی که تقریباً روی یک خط افقی قرار دارند، الگوهای تعامل مشابهی دارند (شکل ۱). اما در بای‌پلات AMMI2 اولین مؤلفه اصلی در محور x و دومین مؤلفه اصلی در محور y قرار می‌گیرد. بر اساس این بای‌پلات، ژنوتیپ‌های (محیط‌های) با نمرات بزرگ‌تر PCA1 (چه مثبت و چه منفی) دارای تعامل بالایی هستند، در حالی که ژنوتیپ‌های (محیط‌های) با نمرات PCA1 نزدیک به صفر دارای تعامل کمی هستند. به این ترتیب، می‌توان در باره سازگاری خصوصی ژنوتیپ‌ها اطلاعاتی کسب کرد (شکل ۲). با این‌حال، مدل AMMI

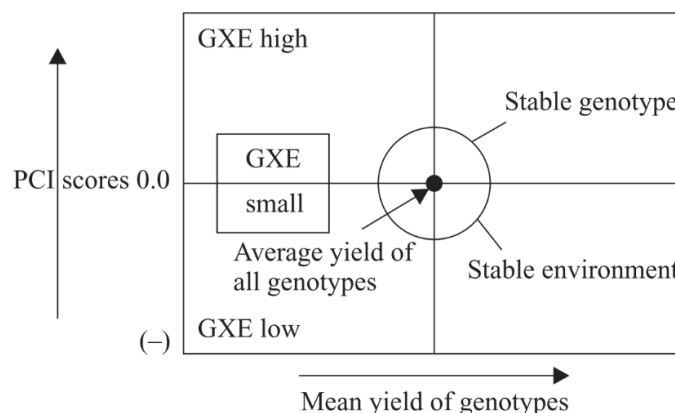
علاوه بر این، مدل AMMI با استفاده از ابزارهای گرافیکی مانند بای‌پلات، تفسیر نتایج را ساده و امکان طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را فراهم می‌کند. روش AMMI از تکنیک تجزیه به مقادیر منفرد (SVD) برای کاهش اطلاعات موجود در یک آرایه داده‌ای $n \times m$ (که در آن n تعداد ژنوتیپ‌ها و m تعداد محیط‌ها است)، به بردارهای تجمعی به ترتیب اهمیت آن‌ها استفاده می‌کند. این روش به شناسایی بزرگ‌ترین بخش از تغییرات موجود در داده‌ها و تعامل $G \times E$ کمک می‌کند. به‌طور کلی، این مدل می‌تواند در جنبه‌های مختلف از جمله، ۱- درک بهتر GEI، ۲- افزایش دقت برآوردهای عملکرد، ۳- شناسایی الگوهای ابرمحیطی، ۴- بهبود انعطاف‌پذیری طرح‌های آزمایشی و ۵- جاگذاری داده‌های گمشده مفید واقع شود. این مدل توسط زوبل و همکاران (Zobel *et al.*, 1988) توسعه یافت و به‌طور گسترده‌ای در مطالعات سازگاری محصولات کشاورزی به‌ویژه گندم استفاده شد. آن‌ها رابطه زیر را برای مدل AMMI پیشنهاد کردند:

$$Y_{ijr} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k r_{in} s_{jn} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (8)$$

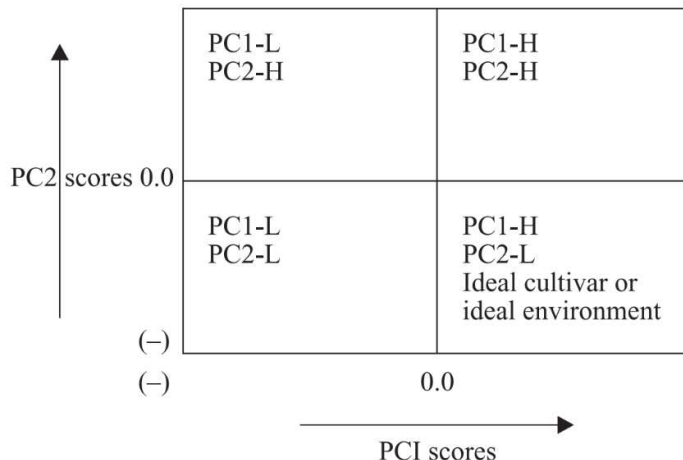
در این رابطه، μ میانگین کل، g_i انحراف میانگین ژنوتیپ i ام از میانگین کل و e_j انحراف میانگین محیط j ام از میانگین کل است. در بخش ضرب‌پذیر مدل AMMI با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA)، برهمکنش GE به مؤلفه‌های اصلی از ۱ تا n تقسیم می‌شود، که در آن n تعداد مؤلفه‌های باقی‌مانده در مدل است. بنابراین، اگر از تمامی مؤلفه‌ها استفاده نشود، باقی‌مانده مدل به

محیطی به‌طور مستقیم از مدل AMMI قابل استخراج نیست. بنابراین، این مدل بیش‌تر برای شناسایی بصری ژنوتیپ‌های پایدار و پاسخ‌گو در دو یا سه بُعد مناسب است. از این‌رو، با توجه به نیاز به‌نژادگران گیاهی به الگوی پاسخ ژنوتیپ به محیط، این اطلاعات باید از طریق روش‌های دیگر شناسایی شود (Ferreira *et al.*, 2006).

با محدودیت‌هایی مواجه است. هنگامی که تعداد مؤلفه‌های حفظ شده بیش‌تر از سه باشد، توصیف اثرات تعامل ژنوتیپ- محیط دشوار می‌شود، زیرا ترسیم نمودار در ابعاد بالاتر از سه امکان‌پذیر نیست. اگرچه می‌توان تمام جفت مؤلفه‌ها را ترسیم کرد، اما هر مؤلفه تنها بخشی از تغییرات GE را نمایان می‌سازد. همچنین، الگوی پاسخ



شکل ۱- نمایش نمرات مؤلفه اصلی اول (PC1) ژنوتیپ‌ها و/یا محیط‌ها در مقابل میانگین عملکرد
Figure 1. Showing the PC1 scores of genotypes and/or environments versus mean yield



شکل ۲- ترسیم نمرات مؤلفه اصلی اول (PC1) در مقابل مؤلفه اصلی دوم (PC2) برای ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها. H، بالا؛ L، پایین.
Figure 2. Plotting the PC1 versus PC2 scores for genotypes or environments. H, high; L, low.

۲-۲- روش GGE-Biplot

بسیاری از آزمایش‌های تحلیل پایداری، اثر اصلی محیط معمولاً بسیار بزرگ است و به‌عنوان یک منبع غیرقابل کنترل، استفاده از آن دشوار است. بنابراین، حذف اثر محیط از داده‌ها و تمرکز بر اثر اصلی ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ و محیط، که تغییرات کم‌تری را به‌خود اختصاص می‌دهند، اهمیت زیادی دارد. در روش GGE بای‌پلات،

GGE-Biplot یک ابزار گرافیکی است که در تجزیه و تحلیل تعامل ژنوتیپ × محیط (GEI) در آزمایش‌های چندمحیطی (MET) به‌نژادگر کمک می‌کند. این روش نخستین بار توسط یان (Yan, 2001) معرفی شد و پس از آن توسط پژوهشگران بسیاری در زمینه‌های مختلف کشاورزی به‌کار گرفته شده است (Jokarfard *et al.*,)

بهترین عملکرد در درون مکان‌های همان بخش است. همچنین، این روش محیط‌های مشابه را گروه‌بندی و به اصطلاح "ابرمحیط‌ها یا محیط‌های بزرگ" را شناسایی می‌کند که در آن‌ها ژنوتیپ‌های خاص بهترین عملکرد را دارند (Yan & Tinker, 2006).

۲. رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها نسبت به ژنوتیپ ایده‌آل

نمودار ژنوتیپ ایده‌آل بر اساس تعیین فاصله از ژنوتیپ ایده‌آل فرضی رسم می‌شود (شکل ۴). ژنوتیپ ایده‌آل فرضی که پایدارترین و پرمحصول‌ترین ژنوتیپ است (Yan & Kang, 2003)، بر اساس بیش‌ترین طول روی بردار محیط متوسط (AEA; Average Environment Axis) ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و با حداقل نقش در برهمکنش ژنوتیپ و محیط تعریف می‌شود، به‌طوری که در نمودار، ژنوتیپ ایده‌آل فرضی به‌صورت یک دایره کوچک روی محور میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها نشان داده می‌شود. برای استفاده از ژنوتیپ ایده‌آل به‌عنوان مرکز ارزیابی، دایره‌های هم‌مرکزی در بای‌پلات به‌منظور تعیین فاصله گرافیکی بین ژنوتیپ‌های مطالعه شده با ژنوتیپ ایده‌آل ایجاد می‌شود. ژنوتیپی که در مرکز دایره‌ها باشد و یا کم‌ترین فاصله را از ژنوتیپ ایده‌آل فرضی داشته باشد، به‌عنوان ژنوتیپ برتر با عملکرد و پایداری بالا محسوب می‌شود.

۳. بررسی میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها

بای‌پلات مختصات محیط متوسط (AEC; Average Environmental Coordinate) روش گرافیکی دیگری است که به‌طور ویژه به تحلیل میانگین عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها کمک می‌کند. در این نمودار، محور افقی که به آن محور محیط متوسط (AEA) نیز می‌گویند، دارای دایره کوچکی در انتهای پیکان محیط می‌باشد. این دایره، مختصات متوسط تمامی محیط‌های آزمایشی است. AEA نیز در واقع خطی است که از محیط متوسط عبور می‌کند و به مبدأ بای‌پلات متصل می‌شود (شکل ۴). این خط به‌سمت عملکرد بالاتر از میانگین در محیط‌های مختلف اشاره دارد. ژنوتیپ‌هایی که در انتهایی‌ترین قسمت سمت راست (در جهت مثبت) محور عملکرد باشند، عملکرد بالاتری دارند. خط عمودی AEC که از مرکز بای‌پلات عبور می‌کند و عمود بر محور افقی است، شامل دو فلش است. این خط بیانگر برهمکنش ژنوتیپ × محیط یا پایداری است. ژنوتیپ‌هایی که به این محور نزدیک‌تر باشند، پایداری بیش‌تر و آن‌هایی که فاصله بیش‌تری از این محور دارند، ناپایداری بیش‌تری دارند (Yan & Kang, 2003).

این دو منبع تغییر (ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ و محیط) به‌طور همزمان مورد استفاده قرار می‌گیرند تا نتایج قابل اعتمادتری برای انتخاب ژنوتیپ‌های ایده‌آل با عملکرد بالا و بیش‌ترین پایداری در شرایط مختلف به‌دست آید. همچنین، استفاده از این روش امکان بررسی روابط میان محیط‌ها و شناسایی محیط‌های هدف در برنامه‌های به‌نژادی را به‌سادگی میسر می‌سازد (Yan & Tinker, 2006). مدل به‌کار رفته در بای‌پلات GGE با رابطه (۹) تعریف می‌شود:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{1j} + g_{i2}e_{2j} + \varepsilon_{ij} \quad (9)$$

که در آن، g_{i1} و e_{1j} نمرات اولیه برای ژنوتیپ i و محیط j و g_{i2} و e_{2j} نمرات ثانویه برای ژنوتیپ i و محیط j در نظر گرفته می‌شوند و ε_{ij} نیز به‌عنوان باقیمانده شناخته می‌شود که توسط اثرات اولیه و ثانویه توجیه نمی‌شود.

یک بای‌پلات GGE با رسم g_{i1} در مقابل g_{i2} و e_{1j} در مقابل e_{2j} در یک نمودار پراکنش، ایجاد می‌شود. نمرات اولیه از طریق تجزیه به مقادیر منفرد (SVD) استخراج می‌شوند و معادله به رابطه (۱۰) تبدیل می‌شود:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{2j} + \varepsilon_{ij} \quad (10)$$

در این رابطه، λ_1 و λ_2 به‌ترتیب مقادیر منفرد اولین و دومین مؤلفه اصلی (PC1 و PC2)، ξ_{i1} و ξ_{i2} به‌ترتیب بردارهای ویژه ژنوتیپ i ام برای PC1 و PC2 و η_{1j} و η_{2j} به‌ترتیب بردارهای ویژه محیط j ام برای PC1 و PC2 هستند (Yan *et al.*, 2000).

برای تشریح مهم‌ترین کاربردهای روش GGE-Biplot که به‌شرح زیر خلاصه شده‌اند (Nataraj *et al.*, 2021)، از داده‌های یانگ و تینکر (Yan & Tinker, 2006) به‌منظور ارزیابی ۱۸ رقم گندم زمستانه (G1 تا G18) در نه مکان مختلف در انتاریو (E1 تا E9) استفاده شده است.

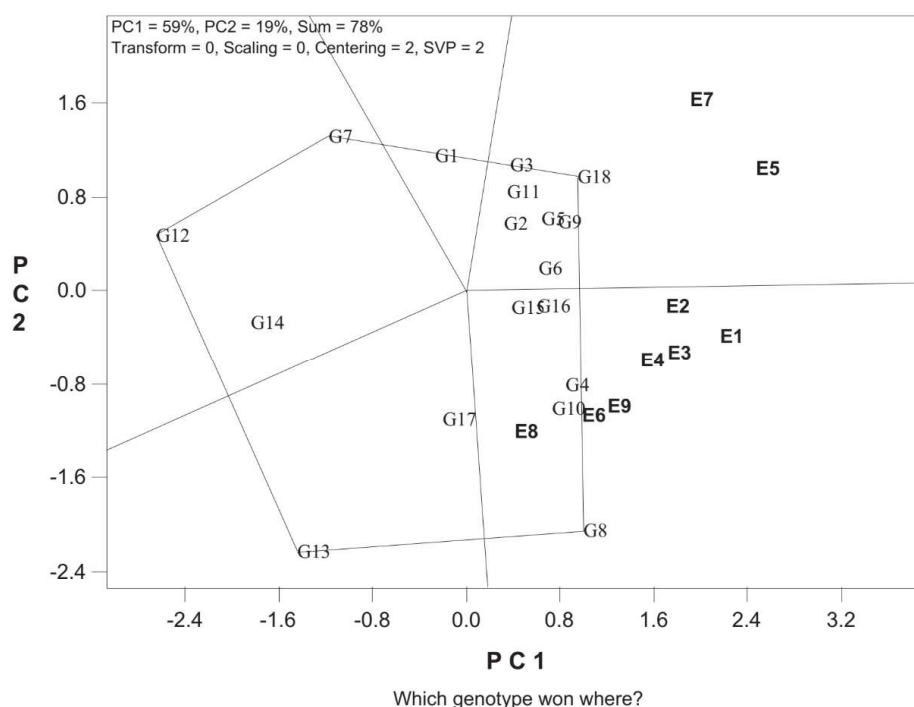
۱. کدام ژنوتیپ برای کدام محیط مناسب‌تر است

در بای‌پلات "کدام-برتر-کجا"، دورترین ژنوتیپ‌ها به‌وسیله خطوطی به‌هم متصل و یک چندضلعی تشکیل می‌شود. در این بای‌پلات، دورترین ژنوتیپ‌ها در رئوس چندضلعی و سایر ژنوتیپ‌ها در داخل چندضلعی قرار می‌گیرند (شکل ۳). از هر ضلع یک خط عمود ("خطوط تساوی") که از مبدأ بای‌پلات می‌گذرد رسم می‌شود. این خطوط، چندضلعی را به بخش‌هایی تقسیم می‌کنند که هر بخش نمایانگر یک زیرمجموعه از ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها است و محیط‌ها در بخش‌های یکسان و یا متفاوتی قرار می‌گیرند. ژنوتیپی که در رأس هر بخش قرار دارد، دارای

۴. روابط بین محیط‌های آزمایشی

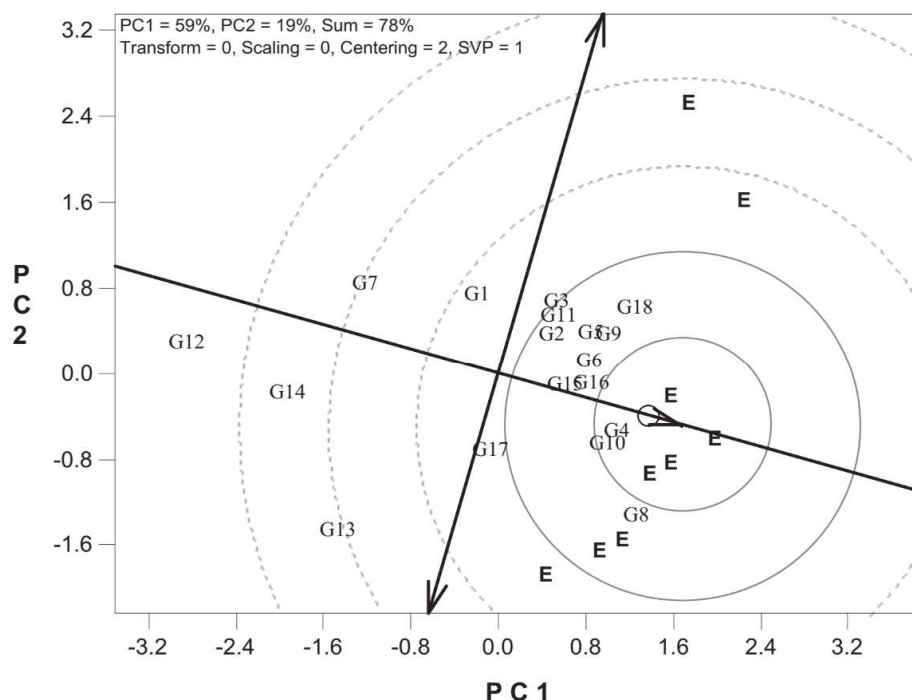
هزینه‌ها خواهد شد (Yan & Tinker, 2006). ویژگی مهم دیگر در بای پلات همبستگی بین محیط‌ها، طول بردار محیط است که تقریبی از انحراف معیار درون هر محیط و نیز شاخصی برای قابلیت تمایز محیط‌ها است، به طوری که بردارهای بلندتر دارای انحراف معیار بیش‌تر و در نتیجه قابلیت تمایز بیش‌تری هستند. قابلیت تمایز یکی از ویژگی‌های مهم هر محیط است، به این مفهوم که محیط‌های فاقد قابلیت تمایز نمی‌توانند اطلاعات مفیدی در مورد ژنوتیپ‌ها ارائه کنند.

در روش GGE-Biplot، کسینوس زاویه بین بردارهای محیط‌ها در نمودار بای پلات، تقریبی از همبستگی بین محیط‌ها است (شکل ۵). اگر زاویه بین دو بردار محیطی ۹۰ درجه باشد، همبستگی آن‌ها صفر، اگر این زاویه صفر درجه باشد، همبستگی بین محیط‌ها ۱+ و اگر ۱۸۰ درجه باشد، همبستگی ۱- خواهد بود. با تعیین همبستگی بین محیط‌ها می‌توان در METها، محیط‌های مشابه را شناسایی و حذف کرد که این امر منجر به کاهش



شکل ۳- بای پلات "کدام-برتر-کجا" برای نمایش این که کدام ژنوتیپ‌ها در کدام محیط‌ها بهترین عملکرد را دارند. ژنوتیپ‌های واقع در رئوس چندضلعی، در یک یا چند محیط، بهترین یا ضعیف‌ترین عملکرد را دارند. خط تساوی بین G18 و G8 نشان می‌دهد که G18 در E7 و E5 بهتر عمل کرده است، در حالی که G8 در سایر محیط‌ها بهتر بوده است. خط تساوی بین G18 و G7 نیز نشان می‌دهد که G18 در تمام محیط‌ها بهتر از G7 بوده است. G1 و G3 روی خطی قرار دارند که G7 و G18 را به هم متصل می‌کند، به این معنی که رتبه ژنوتیپ‌ها در تمام محیط‌ها $G18 > G3 > G1 > G7$ بوده است. خطوط برابری، نمودار دویخشی را به بخش‌هایی تقسیم می‌کنند و ژنوتیپ برتر برای هر بخش، ژنوتیپی است که در راس مربوطه قرار دارد. در این مثال، نه محیط به دو بخش یا دو ابر محیط متفاوت تقسیم شده‌اند و بنابراین نیاز به انتخاب رقم‌های مختلف برای هر یک است: G18 در E7 و E5 و G8 در سایر محیط‌ها برتر بوده‌اند (Yan & Tinker, 2006).

Figure 3. The which-won-where view of the GGE biplot to show which genotypes performed best in which environments. Genotypes located on the vertices of the polygon performed either the best or the poorest in one or more environments. The equality line between G18 and G8 indicates that G18 was better in E7 and E5, whereas G8 was better in the other environments. The equality line between G18 and G7 indicates that G18 was better than G7 in all environments. Note that G3 and G1 are located on the line that connects G18 and G7. This means that the rank $G18 > G3 > G1 > G7$ was true in all environments. The equality lines divide the biplot into sectors, and the winning genotype for each sector is the one located on the respective vertex. In this example, the nine environments fall into two sectors. This pattern suggests that the target environment may consist of two different mega-environments and that different cultivars should be selected and deployed for each. G18 was the winner in environments E7 and E5, and G8 was the winner for the other environments (Yan & Tinker, 2006).



Ranking genotype based on both mean and stability

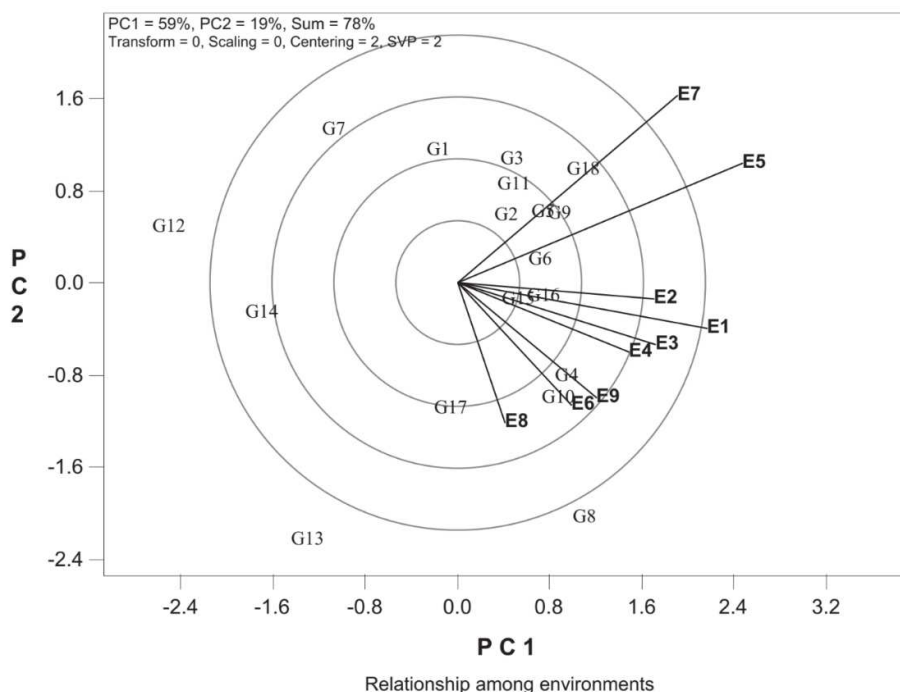
شکل ۴- نمودار مختصات محیط متوسط (AEC) برای رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها نسبت به ژنوتیپ ایده‌آل فرضی (مرکز دایره‌های هم‌محور). ژنوتیپ‌های G4، G10 و G16 که به "ژنوتیپ ایده‌آل" نزدیک‌تر هستند، مطلوب‌تر هستند. همچنین، G12 به‌عنوان ضعیف‌ترین ژنوتیپ شناخته می‌شود. ژنوتیپ G4 نسبت به G8 پایداری بالاتری دارد و مطلوب‌تر است، حتی اگر G8 میانگین عملکرد بالاتری داشته باشد. طبق این شکل، G12 دارای پایداری بالایی است، اما این بدان معنا نیست که عملکرد آن همیشه خوب بوده است، بلکه فقط نشان‌دهنده این است که عملکرد نسبی ثابتی داشته است. در واقع، حتی از G13 که عملکرد متغیر و ناپایداری دارد، ضعیف‌تر است، زیرا G13 در برخی شرایط عملکرد بهتری نشان داده است (Yan & Tinker, 2006).

Figure 4. The average-environment coordination (AEC) view to rank genotypes relative to an ideal genotype (the center of the concentric circles). The genotypes G4, G10 and G16 which are closer to the 'ideal genotype' are more desirable than others. Also, G12 is known as the poorest genotype. G4 was more stable and desirable than G8 even though G8 had higher average yield. According to this figure, G12 is highly stable. This does not mean G12 was any good; it only means that the relative performance of G12 was consistent. G12 was even poorer than the highly variable, least stable genotype G13, because G13 performed reasonably well in at least some environments (Yan & Tinker, 2006).

۵. بررسی توانایی تمایز و بازنمایی محیط‌های آزمایشی

هنگامی که صحبت از محیط‌های مطلوب می‌شود، منظور محیط‌هایی هستند که بیش‌ترین توانایی را در شناسایی ژنوتیپ‌های برتر دارند. علاوه بر قابلیت تمایز محیط، یکی دیگر از ویژگی‌های مهم، میزان بیان‌گری یا نمایندگی محیط آزمایشی از محیط بزرگ است. بای‌پلات محیط متوسط (که با دایره کوچک در انتهای پیکان نشان

داده شده است)، دارای مختصات میانگین تمام محیط‌های آزمایشی است و محور مختصات محیط متوسط (AEA) خطی است که از محیط متوسط و مبدأ بای‌پلات عبور می‌کند (شکل ۶). زاویه بین بردار محیطی و AEA مقیاسی برای تعیین میزان بیان‌گری یک محیط است. هر چقدر این زاویه کوچک‌تر باشد، توانایی تمایز و بازنمایی بیش‌تری دارد و محیط مورد نظر نماینده بهتری از محیط هدف بزرگ خواهد بود (Yan & Tinker, 2006).



شکل ۵- نمودار دو بعدی بردارهای محیطی برای نشان دادن شباهت‌ها بین محیط‌های آزمایشی در تمایز ژنوتیپ‌ها. E5 و E7 همبستگی مثبت داشتند (یک زاویه حاده)، E7 و E8 همبستگی منفی داشتند (یک زاویه منفرجه)، و E5 و E8 همبستگی نداشتند (یک زاویه قائمه). در اینجا بزرگ‌ترین زاویه کمی بیش‌تر از ۹۰ درجه است (بین E7 و E8)، که نشان می‌دهد GE به‌طور متوسط بزرگ است. فاصله بین دو محیط، عدم شباهت آن‌ها را در تمایز ژنوتیپ‌ها اندازه‌گیری می‌کند. بنابراین، نه محیط به دو گروه واضح تقسیم شدند: E5 و E7 یک گروه و سایر محیط‌ها گروه دیگری را تشکیل دادند. دایره‌های هم‌مرکز روی بای‌پلات به تجسم طول بردارهای محیطی کمک می‌کنند که متناسب با انحراف معیار در محیط‌های مربوطه و معیاری از توانایی تمایز محیط‌ها هستند. بنابراین، در بین نه محیط، E5 و E7 دارای بیش‌ترین قابلیت تمایز (اطلاعات) و E8 دارای کم‌ترین قابلیت تمایز هستند (Yan & Tinker, 2006).

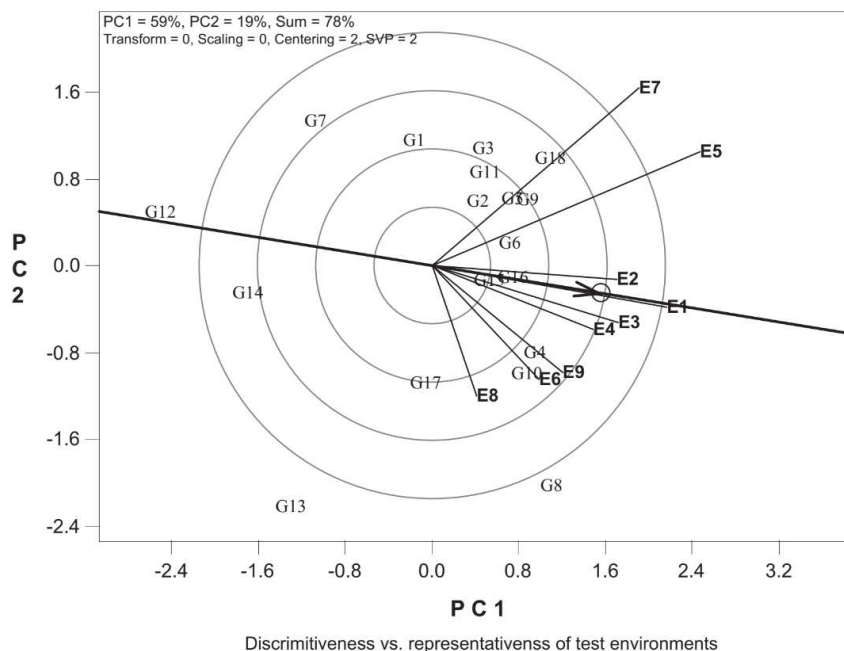
Figure 5. The environment-vector view of the GGE biplot to show similarities among test environments in discriminating the genotypes. E7 and E5 were positively correlated (an acute angle), E7 and E8 were slightly negatively correlated (an obtuse angle), and E5 and E8 were not correlated (a right angle). Here the largest angle is slightly larger than 90° (between E7 and E8), implying that the GE is moderately large. The distance between two environments measures their dissimilarity in discriminating the genotypes. Thus, the nine environments fell into two apparent groups: E7 and E5 formed one group, and the remaining environments formed another. The concentric circles on the biplot help to visualize the length of the environment vectors, which is proportional to the standard deviation within the respective environments and is a measure of the discriminating ability of the environments. Therefore, among the nine environments, E7 and E5 were most discriminating (informative) and E8 least discriminating (Yan & Tinker, 2006).

۶. بررسی محیط‌های آزمایشی ایده‌آل

محیط ایده‌آل محیطی فرضی است که دارای حداکثر قابلیت تمایز و بیانگری باشد. از نظر مکانی این نقطه روی AEA در مرکز دایره هم‌مرکز بای‌پلات قرار دارد. میزان مطلوبیت محیط‌ها با استفاده از فاصله آن‌ها از محیط ایده‌آل سنجیده می‌شود (شکل ۷). محیط‌های که نزدیک به محیط ایده‌آل هستند و طول بردارهای محیطی بزرگ‌تری دارند را می‌توان به‌عنوان محیط‌های مطلوب جهت گزینش ژنوتیپ‌های برتر در نظر گرفت (Yan & Tinker, 2006).

۷. رتبه‌بندی محیط‌ها بر اساس عملکرد یک ژنوتیپ

برای بررسی سازگاری خاص یک ژنوتیپ و رتبه‌بندی محیط‌های آزمایشی بر اساس عملکرد نسبی آن، خطی رسم می‌شود که از مبدأ نمودار دو بعدی و ژنوتیپ می‌گذرد (شکل ۸). این خط به نام محور ژنوتیپ شناخته می‌شود و رتبه‌بندی محیط‌ها در امتداد آن انجام می‌شود. در این نمودار، یک خط عمود بر محور ژنوتیپ رسم می‌شود. هدف از این خط عمود، جدا کردن محیط‌هایی است که در آن‌ها عملکرد ژنوتیپ انتخابی پایین‌تر از میانگین است (Yan, 2001).



شکل ۶- نمای تمایز و بازنمایی بای پلات GGE برای نشان دادن توانایی تمایز و بازنمایی محیط‌های آزمایشی. E1 کوچک‌ترین زاویه را با AEA دارد و بنابراین نمایان‌گرترین محیط است، در حالی که E7 و E8 کم‌ترین بازنمایی را دارند. در واقع E1 که هم متمایزکننده و هم نمایان‌گر است، محیط آزمایشی خوبی برای انتخاب ژنوتیپ‌های با سازگاری عمومی است. محیط‌های آزمایشی متمایزکننده اما غیرنمایان‌گر (به‌عنوان مثال E7 و E8)، برای انتخاب ژنوتیپ‌های دارای سازگاری خصوصی در صورتی که محیط‌های هدف را بتوان به محیط‌های کلان تقسیم کرد، مفید هستند (Yan & Tinker, 2006).

Figure 6. The discrimination and representativeness view of the GGE biplot to show the discriminating ability and representativeness the test environments. E1 has a smaller angle with the AEA. Thus, E1 is most representative whereas E7 and E8 least representative. Test environments that are both discriminating and representative (e.g., E1) are good test environments for selecting generally adapted genotypes. Discriminating but non-representative test environments (e.g., E7 and E8) are useful for selecting specifically adapted genotypes if the target environments can be divided into mega-environments (Yan & Tinker, 2006).

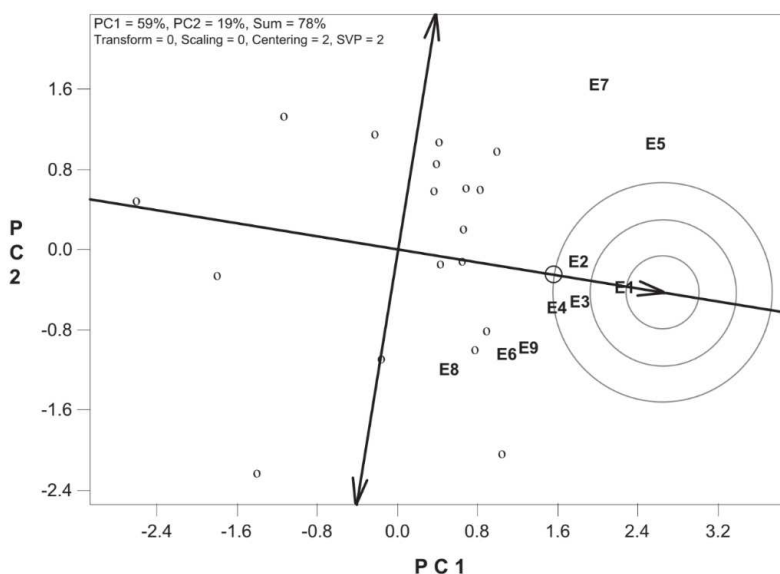
۱۹۹۷). این مدل قادر است ساختار ماتریس داده‌ها را با استفاده از چند بردار، که شامل میانگین‌های ژنوتیپ و محیط و نیز مقادیر منفرد مؤلفه‌های اصلی برهمکنش ژنوتیپ با محیط است، به ابعاد کوچک‌تری کاهش دهد (Gauch, 1988). یکی از مزایای این روش وجود شاخص‌های آماری متعدد بر پایه نمرات مؤلفه‌های اصلی و قابلیت استفاده از نمایش‌های گرافیکی برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار است (Gauch & Zobel, 1988). با این‌حال، به دلیل استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، نتایج ممکن است پیچیده‌تر شوند و نیاز به تفسیر دقیق‌تری داشته باشند. این روش بیش‌تر در فعالیتهای تحقیقاتی به کار می‌رود که برای درک عمیق‌تر تعاملات بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها استفاده می‌شوند.

۸. رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد در یک محیط

برای رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد آن‌ها در یک محیط، خطی رسم می‌شود که از مبدأ نمودار دوبعدی و محیط می‌گذرد. این خط، محور برای این محیط نامیده می‌شود و رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها در امتداد آن قرار دارد (شکل ۹). در این نمودار نیز خطی عمود از محور محیط‌ها عبور می‌کند و ژنوتیپ‌هایی که دارای عملکرد بالاتر از متوسط و پایین‌تر از متوسط در محیط انتخابی هستند را از هم تفکیک می‌کند (Yan, 2001).

۲-۳- مقایسه روش‌های AMMI و GGE-Biplot

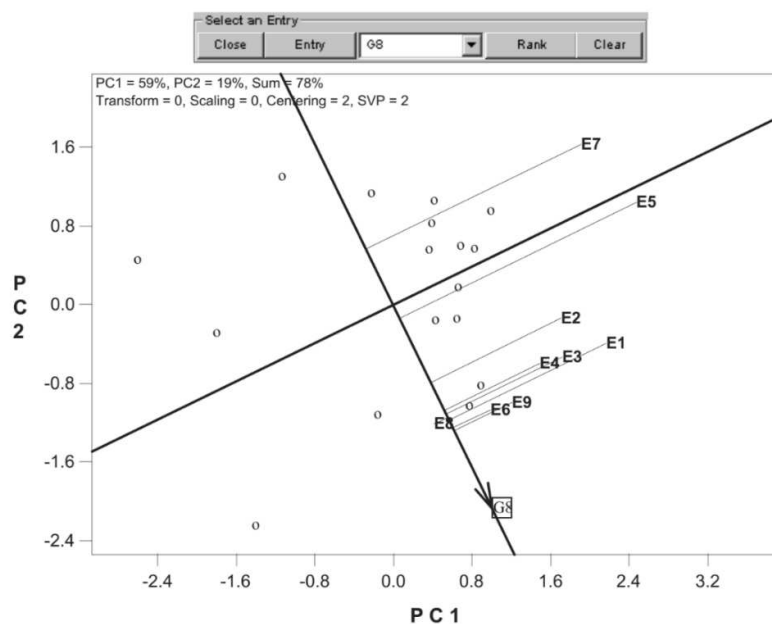
مدل AMMI بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) ابداع شده و هدف آن تمرکز پراکندگی ژنوتیپ‌ها در محیط بر محورهای مؤلفه‌های اصلی است (Purchase, ۲۰۰۱).



Ranking environments based on both discriminating ability and representativeness

شکل ۷- تمایز و بازنمایی بای پلات GGE برای رتبه‌بندی محیط‌های آزمایشی نسبت به محیط آزمایشی ایده‌آل (مرکز دایره‌های هم‌مرکز). یک نقطه روی AEA در جهت مثبت (دارای بالاترین نمایانگری) و فاصله‌اش از مبدأ بای پلات برابر با طولانی‌ترین بردار در بین تمام محیط‌ها (بالاترین تمایز) است. E1 نزدیک‌ترین نقطه به این موقعیت و بهترین محیط است، در حالی که E7 و E8 برای انتخاب ژنوتیپ‌هایی که با کل منطقه سازگار باشند، ضعیف‌ترین هستند (Yan & Tinker, 2006).

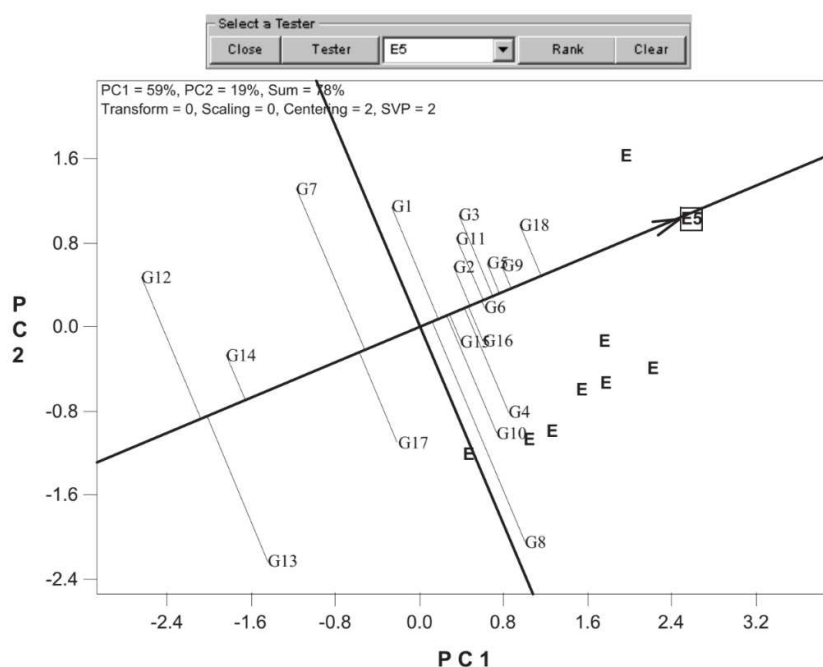
Figure 7. The discrimination and representativeness view of the GGE biplot to rank test environments relative to an ideal test environment (represented by center of the concentric circles). It is a point on the AEA in the positive direction ("most representative") with a distance to the biplot origin equal to the longest vector of all environments ("most informative"). E1 is closest to this point and is, therefore, best, whereas E7 and E8 were poorest for selecting cultivars adapted to the whole region (Yan & Tinker, 2006).



Ranking environments based on the performance of a genotype (G8)

شکل ۸- رتبه‌بندی محیط‌های آزمایشی از نظر عملکرد نسبی یک ژنوتیپ (G8). G8 در E7 عملکردی کم‌تر از میانگین، در E5 نزدیک به میانگین و در سایر محیط‌ها بالاتر از میانگین دارد (Yan & Tinker, 2006).

Figure 8. Ranking test environments for the relative performance of a genotype (G8). G8 has lower than average yield in E7, near-average yield in E5, and higher than average yield in other environments (Yan & Tinker, 2006).



Ranking genotypes based on their performance in one environment (E5)

شکل ۹- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد در یک محیط خاص (E5). بر اساس این شکل، ژنوتیپ‌های G12، G14، G13، G7 و G17 عملکرد کم‌تری از میانگین، دو ژنوتیپ G1 و G8 عملکردی نزدیک به میانگین و بقیه ژنوتیپ‌ها عملکردی بالاتر از میانگین دارند. بیش‌ترین عملکرد در E5 متعلق به G18 و کم‌ترین عملکرد متعلق به G12 است (Yan & Tinker, 2006).

Figure 9. Ranking genotypes based on performance in a specific environment (E5). Genotypes G12, G14, G13, G7, and G17 have lower than average yield, G1 and G8 have near average yield, and all others have higher than average yields. The highest yielder in E5 is G18 and the lowest yielder is G12 (Yan & Tinker, 2006).

داده‌های تصحیح شده دوطرفه (تصحیح به‌وسیله میانگین ژنوتیپ و محیط) ترسیم می‌شود و تنها شامل اطلاعاتی از GE است، به این معنی که اثرات اصلی ژنوتیپ (G) نادیده گرفته می‌شود (Ebadi *et al.*, 2022).

شاخص‌های تحلیل پایداری توسعه‌یافته بر اساس

تجزیه‌های چند متغیره

۱- شاخص FAI-BLUP

یک شاخص چندمتغیره طراحی شده بر مبنای تحلیل عاملی است که بر اساس فاصله هر ژنوتیپ از ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ) محاسبه می‌شود و توسط روچا و همکاران (Rocha *et al.*, 2018) پیشنهاد شد. FAI-BLUP (تحلیل عاملی BLUP برهمکنش) مدل‌های FA را با BLUP ترکیب می‌کند تا مدل‌سازی G×E را بهبود بخشد. اثرات ژنتیکی با استفاده از مدل‌های ترکیبی BLUP/REML (Best Linear Unbiased Prediction) Restricted Maximum Likelihood/ پیش‌بینی می‌شوند. پس از تعیین ایدئوتیپ، فاصله هر ژنوتیپ از

در مقابل، روش بای‌پلات GGE به‌دلیل عدم کنترل بر محیط، این عامل را نادیده می‌گیرد و تغییرات مربوط به ژنوتیپ و برهمکنش آن با محیط را تحلیل می‌کند. این مدل به‌طور خاص برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در محیط‌های مختلف طراحی شده است. بای‌پلات GGE از ویژگی‌های نمودار بای‌پلات گابریل (Gabriel, 1971) بهره می‌برد که بر اساس روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی طراحی شده و هدف آن ارائه نمای بصری از عملکرد ژنوتیپ‌ها نسبت به محیط‌ها است. نمودارهای بای‌پلات GGE معمولاً به‌راحتی قابل تفسیر هستند و بیش‌تر در کاربردهای عملی مانند انتخاب رقم‌های زراعی و برنامه‌های بهبود گیاهی مورد استفاده قرار می‌گیرند، زیرا نتایج آن به‌طور مستقیم برای کشاورزان و متخصصان مفید است. علاوه بر این، بای‌پلات GGE بر اساس داده‌های تصحیح شده بر اساس تستر (محیط) ترسیم می‌شود که شامل اطلاعاتی از G+GE است. بنابراین، این بای‌پلات به پژوهشگران اجازه می‌دهد تا تأثیرات هر دو عامل را به‌طور همزمان بررسی کنند. در حالی که بای‌پلات AMMI روی

ایدئوتیپ (فاصله ژنوتیپ- ایدئوتیپ) محاسبه و به احتمال بیان می‌شود تا امکان رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها فراهم شود. شاخص FAI-BLUP از رابطه (۱۱) محاسبه می‌شود:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1, j=1}^{i=n, j=m} \frac{1}{d_{ij}}} \quad (11)$$

که در آن، P_{ij} احتمال مشابهت ژنوتیپ i با ایدئوتیپ j (i=1, 2, ..., n; j=1, 2, ..., m) و d_{ij} فاصله ژنوتیپ i از ایدئوتیپ j بر اساس میانگین استاندارد فاصله اقلیدسی است.

۲- میانگین وزنی پایداری و عملکرد بر اساس بهترین عملکرد (WAASBY)

اخیراً اولیوتو و همکاران (Olivoto et al., 2019a) آماره‌ای برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها ارائه داده‌اند که بر پایه AMMI و BLUP استوار است. این شاخص به عنوان میانگین وزنی نمرات مطلق (WAASB; Weighted Average of Absolute Scores) حاصل از تجزیه به مقادیر منفرد ماتریس BLUP برهمکنش ژنوتیپ × محیط تعریف می‌شود. ماتریس BLUP برهمکنش ژنوتیپ × محیط بر اساس مدل خطی مخلوط تهیه می‌شود. محاسبه این شاخص به صورت زیر انجام می‌شود:

$$WAASB = \frac{\sum_{k=1}^p |IPCA_{ik} \times EP_k|}{\sum_{k=1}^p EP_k} \quad (12)$$

در این رابطه، $IPCA_{ik}$ نمره ژنوتیپ i (یا محیط) k در K امین $IPCA$ و EP_k مقدار واریانس توضیح داده شده توسط K امین $IPCA$ را نشان می‌دهد. طبق این شاخص، ژنوتیپی که کمترین مقدار WAASB را داشته باشد، به عنوان پایدارترین ژنوتیپ شناخته می‌شود. علاوه بر این، برای شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایداری، می‌توان از نمودار دو بعدی (Biplot) که بر اساس WAASB و عملکرد دانه ترسیم می‌شود، استفاده کرد. شاخص WAASBY برای انتخاب همزمان بر اساس عملکرد دانه (Y) و پایداری (WAASB) از طریق رابطه (۱۳) محاسبه می‌شود (Olivoto et al., 2019a):

$$WAASBY_i = \frac{(rG_i \times \theta_Y) + (rW_i \times \theta_S)}{\theta_Y + \theta_S} \quad (13)$$

که در آن، $WAASBY_i$ نمایه برتری ژنوتیپ i و θ_Y و θ_S به ترتیب وزن‌های عملکرد و پایداری (WAASB) هستند (Olivoto et al., 2019b). در بسیاری از مطالعات، این وزن‌ها یکسان و مساوی ۵۰ در نظر گرفته می‌شوند. علاوه بر این، ۲۱ برنامه مختلف با وزن‌های متفاوت برای θ_Y و θ_S (۰/۱۰۰، ۰/۹۵، ۰/۹۰، ۱۰/۹۰، ...، ۱۰۰/۰) متفاوت

تعریف شده است. G_i و W_i به ترتیب مقادیر عملکرد دانه و WAASB برای ژنوتیپ i و rG_i و rW_i به ترتیب مقادیر مقیاس‌بندی شده (بین صفر تا ۱۰۰) برای عملکرد و WAASB هستند. مقادیر بیش‌تر WAASBY نشان‌دهنده ژنوتیپ‌های پایدار هستند. از آنجا که بهترین مقادیر برای عملکرد دانه و WAASB به ترتیب حداکثر و حداقل مقادیر هستند، تبدیل مقادیر طبق روابط (۱۴) و (۱۵) انجام می‌شود (Olivoto et al., 2019b):

$$rG_i = \frac{100 - 0}{G_{max} - G_{min}} \times (G_i - G_{max}) + 100 \quad (14)$$

$$rW_i = \frac{0 - 100}{W_{max} - W_{min}} \times (W_i - W_{max}) + 0 \quad (15)$$

۳- شاخص پایداری چند صفتی (MTSI)

برای معرفی یک رقم جدید زراعی، علاوه بر عملکرد دانه، ویژگی‌های دیگری نیز مد نظر قرار می‌گیرند که بسیاری از آن‌ها همبستگی بالایی با یکدیگر و با عملکرد دانه دارند. برای بهره‌برداری از چنین ویژگی‌هایی، اولیوتو و همکاران (Olivoto et al., 2019a) شاخصی به نام شاخص پایداری چندصفتی (MTSI; Multi-Trait Stability Index) بر پایه تجزیه به عامل‌ها معرفی کردند. در این شاخص، به‌طور همزمان عملکرد دانه و سایر صفات اندازه‌گیری شده همراه با پایداری ارزیابی می‌شوند. این شاخص بر اساس رابطه (۱۶) محاسبه می‌شود:

$$MTSI_i = [\sum_{j=1}^f (F_{ij} - F_j)^2]^{0.5} \quad (16)$$

که در آن، $MTSI_i$ نشان دهنده پایداری چندمتغیره ژنوتیپ i ، F_{ij} نمره i برای ژنوتیپ j و F_j نمره j برای ایدئوتیپ است. ژنوتیپی که MTSI کم‌تری دارد، به ایدئوتیپ نزدیک‌تر و به این معنی است که ژنوتیپ مورد نظر در تمامی متغیرهای بررسی شده نمود (عملکرد) بهتری دارد (Olivoto et al., 2019b).

مراحل محاسبه MTSI به شرح زیر است: ۱. تعریف ایدئوتیپ: به این معنا که مشخص شود افزایش یا کاهش کدام صفت در مرحله انتخاب مطلوب‌تر است. تحلیل عاملی WAASBY اولین مرحله در محاسبه شاخص MTSI است. سپس از فاصله اقلیدسی برای محاسبه فاصله بین نمرات ژنوتیپ‌ها و ایدئوتیپ استفاده می‌شود. ۲. تعیین وزن‌ها برای میانگین عملکرد و پایداری: در این مرحله به‌طور خاص معمولاً وزن بیش‌تری به عملکرد دانه (GY) اختصاص می‌یابد. ۳. محاسبه شاخص WAASBY: روش محاسبه شاخص پیش‌تر ارائه شد. برای محاسبه شاخص می‌توان از تابع waasb در بسته metan تحت

مشترک و ε بردار باقی‌مانده $p \times 1$ است که در آن p و f به‌ترتیب تعداد ویژگی‌ها و عوامل مشترک نگه‌داشته‌شده هستند. مقادیر ویژه و بردارهای ویژه از ماتریس همبستگی rX_{ij} و بارهای اولیه با در نظر گرفتن عواملی با مقادیر ویژه بیش‌تر از یک به‌دست می‌آیند. برای برآورد بارهای نهایی از چرخش وریماکس (Kaiser, 1958) استفاده می‌شود. نمرات عاملی با استفاده از رابطه (۱۹) محاسبه می‌شوند:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T \quad (19)$$

که در آن F یک ماتریس $g \times f$ با مقادیر عاملی، Z یک ماتریس $g \times p$ با میانگین‌های استاندارد شده (مقیاس‌گذاری شده)، A یک ماتریس $p \times f$ از بارهای متعارف و R یک ماتریس همبستگی $p \times p$ بین صفات است. متغیرهای f ، g و p به‌ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها، عامل‌های باقیمانده (عامل‌هایی با مقدار ویژه بیش‌تر از یک) و شاخص‌های محاسبه شده را نشان می‌دهند.

تعریف ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ): طبق تعریف رابطه (۱)، ایدئوتیپ دارای بالاترین مقدار تغییر مقیاس یافته (۱۰۰) برای همه صفات مورد بررسی است، بنابراین، ایدئوتیپ می‌تواند با یک یک بردار I با ابعاد $p \times 1$ تعریف شود. به‌طوری که I برابر با ۱۰۰، ۱۰۰، ...، ۱۰۰ باشد. نمرات برای I نیز بر اساس رابطه (۳) تخمین زده می‌شود. محاسبه فاصله ژنوتیپ‌ها با ایدئوتیپ یا شاخص MGIDI مرحله چهارم و آخر، برآورد شاخص چندصفه‌ای MGIDI است که با رابطه (۲۰) انجام می‌شود:

$$MGIDI_i = [\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - \gamma_j)^2]^{0.5} \quad (20)$$

که در آن، γ_j امتیاز آمین ژنوتیپ در عامل j ام ($i=1, 2, \dots, t$; $j=1, 2, \dots, f$) و γ_j نمره آمین ژنوتیپ ایده‌آل است. t و f به‌ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و عامل‌ها را نشان می‌دهند. ژنوتیپ‌هایی با کم‌ترین مقدار MGIDI به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر هستند و بنابراین مقادیر مطلوب را برای همه صفات محاسبه شده نشان می‌دهند.

سهمی از شاخص MGIDI ردیف/ژنوتیپ/تیمار ω_{ij} توجیه شده با عامل j ام (ω_{ij})، بیانگر نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌ها/تیمارها است و به‌صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$\omega_{ij} = \frac{\sqrt{D_{ij}^2}}{\sum_{j=1}^f \sqrt{D_{ij}^2}} \quad (21)$$

که در آن، D_{ij} فاصله ژنوتیپ i ام از آمین ژنوتیپ ایده‌آل است. کم‌ترین مشارکت یک عامل نشان‌دهنده آن است که صفات درون آن عامل به ایدئوتیپ نزدیک‌تر هستند.

نرم‌افزار R استفاده کرد. سپس از مدل به‌دست آمده در تابع MTSTI استفاده می‌شود. ۴. تعریف پایداری بر اساس ایدئوتیپ: بهترین ژنوتیپ‌ها که به ایدئوتیپ نزدیک‌تر هستند، شناسایی می‌شوند.

۴- شاخص فاصله ژنوتیپ- ایدئوتیپ چندصفه‌ای (MGIDI)

تئوری شاخص Multi-Trait Genotype- (Ideotype Distance Index) بر چهار رکن اصلی متمرکز است: ۱. تغییر مقیاس صفات به‌طوری که همه صفات در دامنه صفر تا ۱۰۰ قرار گیرند، ۲. کاربرد تجزیه به عامل‌ها برای درک ساختار همبستگی و کاهش ابعاد داده‌ها، ۳. تعریف ژنوتیپ ایده‌آل (ایدئوتیپ)، ۴. محاسبه فاصله ژنوتیپ‌ها با ایدئوتیپ (Olivoto & Nardino, 2021).

تغییر مقیاس: در این مرحله، یک جدول دوطرفه با i ردیف یا ژنوتیپ و j ستون یا صفت تشکیل می‌شود. برای تغییر مقیاس (rX_{ij}) از رابطه (۱۷) استفاده می‌شود:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - \eta_{oj}) + \eta_{nj} \quad (17)$$

که در آن، η_{oj} و φ_{oj} به‌ترتیب مقادیر اولیه حداکثر و حداقل برای صفت j ام، η_{nj} و φ_{nj} به‌ترتیب مقادیر جدید حداکثر و حداقل برای صفت j ام پس از تغییر مقیاس، و θ_{ij} مقدار اصلی برای صفت j ام از ژنوتیپ i ام است. برای تغییر مقیاس، مقادیر η_{nj} و φ_{nj} به‌صورت زیر انتخاب می‌شوند: برای ویژگی‌هایی که افزایش آن‌ها مطلوب است، از η_{nj} برابر با ۱۰۰ و φ_{nj} برابر با صفر و در مقابل، برای ویژگی‌هایی که کاهش آن‌ها مطلوب است، از η_{nj} برابر با صفر و φ_{nj} برابر با ۱۰۰ استفاده می‌شود. در جدول دوطرفه مقیاس‌گذاری شده (rX_{ij})، دامنه اعداد هر ستون از صفر تا ۱۰۰ است که مفهوم انتخاب مورد نظر (افزایش یا کاهش) را در نظر می‌گیرد و ساختار همبستگی مجموعه اصلی متغیرها را حفظ می‌کند.

تجزیه به عامل‌ها: مرحله دوم شامل انجام یک تحلیل عاملی اکتشافی با استفاده از rX_{ij} است تا صفات همبسته را در عوامل دسته‌بندی کند. سپس نمرات عاملی برای هر ژنوتیپ (ردیف یا تیمار) برآورد می‌شود. تحلیل عاملی برای کاهش ابعاد داده‌ها و استنتاج ساختار روابط بر اساس رابطه (۱۸) انجام می‌شود:

$$X = \mu + Lf + \varepsilon \quad (18)$$

که در آن، X بردار $p \times 1$ از مقادیر مقیاس‌گذاری شده، μ بردار $p \times 1$ از میانگین‌های استاندارد شده، L ماتریس $p \times f$ از بارهای عاملی، f بردار $p \times 1$ از عوامل

۵- شاخص SIIG

(Selection Index of Ideal Genotype) SIIG

یک شاخص چندمتغیره (چندصفتی) است که برای اولین بار توسط زالی و همکاران (Zali et al., 2015) به منظور ادغام شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی معرفی شد. در این شاخص، صفات مختلف یا شاخص‌های مختلف در قالب یک آماره جدید ترکیب می‌شوند و می‌توان بر اساس آن روند بهتری برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها ارائه کرد. نحوه محاسبه شاخص به شرح زیر است:

۱. تشکیل ماتریس داده‌ها: ماتریس داده‌ها (D) به صورت زیر تشکیل می‌شود. در این ماتریس، ژنوتیپ‌ها در ردیف‌ها و صفات در ستون‌ها قرار می‌گیرند.

$$D = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \cdots & X_{1m} \\ X_{21} & X_{22} & \cdots & X_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ X_{n1} & X_{n2} & \cdots & X_{nm} \end{bmatrix} \quad (22)$$

که در آن، X_{ij} مقدار صفت j ام در ژنوتیپ i ام است ($i=1, 2, \dots, n; j=1, 2, \dots, m$).

۲. تبدیل ماتریس داده‌های اولیه (D) به یک ماتریس استاندارد (ماتریس R). برای استاندارد کردن (بدون واحد کردن) داده‌ها از رابطه (۲۳) استفاده می‌شود:

$$r_{ij} = \frac{X_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^n X_{ij}^2}} \quad (23)$$

به این ترتیب، ماتریس R به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \cdots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & \cdots & r_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \cdots & r_{nm} \end{bmatrix} \quad (24)$$

۳. یافتن ژنوتیپ ایده‌آل (مطلوب) و ژنوتیپ غیرایده‌آل (ضعیف) برای هر صفت: در این مرحله، با توجه به نوع صفت و نظر محقق، تعیین می‌شود که آیا مقدار بالا (یا پایین) یک صفت به عنوان ایده‌آل در نظر گرفته شود. به عنوان مثال، در مورد عملکرد، حداکثر مقدار عملکرد ژنوتیپ به عنوان مقدار ایده‌آل و پایین‌ترین مقدار عملکرد به عنوان غیرایده‌آل (ضعیف) در نظر گرفته می‌شود.

۴. محاسبه فاصله از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (di^+) و ضعیف (di^-): در این مرحله، فاصله هر ژنوتیپ از ژنوتیپ‌های ایده‌آل (di^+) و ژنوتیپ‌های ضعیف (di^-) به ترتیب با استفاده از روابط (۲۵) و (۲۶) محاسبه می‌شود:

$$di^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^+)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (25)$$

$$di^- = \sqrt{\sum_{j=1}^m (r_{ij} - r_j^-)^2} \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (26)$$

در این روابط، r_{ij} مقدار استاندارد شده ژنوتیپ i ام در ارتباط با شاخص (صفت) j ام و r_j^+ و r_j^- به ترتیب مقادیر استاندارد شده ژنوتیپ‌های ایده‌آل و ضعیف برای هر شاخص (صفت) j ام ($i=1, 2, \dots, n; j=1, 2, \dots, m$) هستند.

۵. محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG): در آخرین مرحله برای محاسبه شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل برای هر لاین یا ژنوتیپ از رابطه (۲۷) استفاده می‌شود:

$$SIIG_i = \frac{di^-}{di^+ + di^-} \rightarrow i = 1, 2, \dots, n \quad 0 \leq SIIG_i \leq 1 \quad (27)$$

از آنجایی که میزان تغییرات این شاخص بین صفر و یک است، بنابراین، ژنوتیپی که مقدار $SIIG_i$ آن به یک نزدیک‌تر باشد، آن ژنوتیپ پایداری بالاتری دارد و به ژنوتیپ ایده‌آل نزدیک‌تر است. در مقابل، اگر مقدار $SIIG_i$ به صفر نزدیک‌تر باشد، آن ژنوتیپ ضعیف محسوب می‌شود. این شاخص به محقق در شناسایی و انتخاب بهترین و ضعیف‌ترین ژنوتیپ‌ها کمک می‌کند.

تجزیه ژنتیک پایداری

رویکرد ژنتیکی برای مطالعه GEI شامل شناسایی و مکان‌یابی ژن‌هایی است که ویژگی‌هایی مانند تحمل به تنش، اعم از زیستی یا غیرزیستی و عملکرد پایدار را کنترل می‌کنند. برای بهبود این صفات، به‌زادگران باید مکان قرارگیری ژن‌ها و نحوه وراثت آن‌ها را شناسایی و تعیین کنند. پیشرفت‌های ژنتیک مولکولی ابزارهایی نظیر نشانگرهای مولکولی و روش‌های مکان‌یابی را فراهم کرده‌اند که به شناسایی نواحی ژنومی تأثیرگذار بر صفات کمی مانند عملکرد کمک می‌کنند. این نواحی ژنومی به عنوان مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی (QTL; Quantitative Trait Loci) شناخته می‌شوند. زمانی که این QTL‌ها در محیط‌های مختلف به طور متفاوتی بیان شوند، از آن به برهمکنش QTL با محیط (QTL-; QEI; Environment Interaction) یاد می‌شود که اساس GEI را تشکیل می‌دهد. درک صحیح این برهمکنش‌ها به محققان این امکان را می‌دهد که ژنوتیپ‌های بهتری را در شرایط محیطی مختلف انتخاب کنند و در نتیجه محصولات کشاورزی را در کشورهای توسعه‌یافته و در حال توسعه بهبود بخشند. بر اساس مقاله مروری رودریگز (Rodrigues, 2018)، روش‌ها و مدل‌های آماری که برای شناسایی و درک GEI و QEI استفاده می‌شوند، عبارت‌اند از: ۱. مدل‌های آماری مبتنی بر رگرسیون و تجزیه به مقادیر ویژه، ۲. رگرسیون عاملی- گنجاندن اطلاعات محیطی و ژنوتیپی در مدل، ۳. مدل مخلوط خطی- در

نظر گرفتن ساختار واریانس داده‌ها، ۴. مدل‌های ژنوتیپ به فنوتیپ اکوفیزیولوژیک. این ابزارها امکان بررسی برهمکنش QTL و محیط را فراهم می‌سازند که برای به‌نژادگران مفید است (Rodrigues, 2018).

مطالعات تجزیه پایداری در غلات

مدل‌های AMMI و BLUP پرکاربردترین مدل‌ها در تجزیه پایداری شناخته می‌شوند، اما هر کدام معایب خاص خود را دارند. برای رفع مشکلات، اولیوتو و همکاران (Olivoto *et al.*, 2019a) ویژگی‌های هر دو مدل را ترکیب و یک پارامتر پایداری منحصر به فرد به نام WAASB پیشنهاد کردند. این مدل در واقع جدیدترین مدل است و کارایی آن به‌طور مداوم توسط به‌نژادگران ارزیابی می‌شود. سانتوس و مارزا (Santos & Marza, 2020) از شاخص WAASBY برای انتخاب ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار جو علوفه‌ای استفاده و گزارش کردند که WAASBY به‌عنوان یک شاخص ایده‌آل می‌تواند عملکرد ژنوتیپ‌ها را در آزمایش‌های چندمحیطی ارزیابی کند. پورابوقداره و همکاران (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2021, 2022) نیز برای شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول جو از شاخص WAASB استفاده کردند و نشان دادند که این شاخص می‌تواند به‌عنوان شاخصی ایده‌آل برای شناسایی واریته‌های برتر در آزمایش‌های MET عمل کند. همچنین، ال-اشکر (Al-Ashkar, 2024) از این شاخص برای انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار گندم تحت شرایط بدون تنش و تنش خشکی بهره برد.

زمانی که محققان چندین صفت مرتبط با عملکرد را در فعالیت‌های به‌نژادی اندازه‌گیری کنند، با چالش انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار و برتر بر اساس مجموعه این صفات مواجه هستند. شاخص پایداری چندصفتی (MTSI) به‌طور موفقیت‌آمیز برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بر اساس چندین صفت استفاده شده است (Singamsetti *et al.*, 2021; Farhad *et al.*, 2022; Lima *et al.*, 2022; Padmaja *et al.*, 2022). در پژوهش‌های دیگری نیز انتخاب بر اساس ترکیب صفات مورفوفیزیولوژیک و صفات مرتبط با عملکرد در شرایط مختلف (بهینه و تنش) انجام شده است (Balbaa *et al.*, 2022; Yue *et al.*, 2022). شریفی و همکاران (Sharifi *et al.*, 2020) کارایی شاخص‌های WAASB، WAASBY و MTSI را برای شناسایی ژنوتیپ‌های پرمحصول و پایدار برنج در آزمایش‌های چندمحیطی ارزیابی و گزارش کردند که این

مدل‌ها قابلیت خوبی جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس عملکرد و پایداری دارند. شیر و همکاران (Shiri *et al.*, 2024) نیز نشان دادند که شاخص‌های WAASBY و MTSI می‌توانند در انتخاب هیبریدهای برتر ذرت بر اساس عملکرد و پایداری در شرایط مختلف محیطی مؤثر باشند. در این راستا، استفاده از این شاخص‌ها که قابلیت ارزیابی همزمان عملکرد و پایداری را دارند، می‌تواند به افزایش کارایی برنامه‌های به‌نژادی و انتخاب ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار در کشاورزی کمک کنند. روش‌های جدید چندمتغیره مانند MTSI و MGIDI برای شناسایی ایدئوتیپ‌های پایدار با ویژگی‌های متعدد و سازگار با محیط‌های مختلف در گیاهان مختلفی از جمله جو زراعی، ذرت و گندم به‌کار رفته‌اند. نتایج نشان داده است که این شاخص‌ها با در نظر گرفتن هم‌زمان بسیاری از صفات و شاخص‌ها، می‌توانند نقاط قوت و ضعف ژنوتیپ‌های مختلف را ارزیابی کنند (Olivoto & Nardino, 2021; Yue *et al.*, 2022; Shirzad *et al.*, 2022; Al-Ashkar *et al.*, 2023). در مطالعه‌ای که توسط زالی و همکاران (Zali *et al.*, 2022) انجام شد، ژنوتیپ‌های برتر جو با استفاده از شاخص‌های انتخاب مختلف مبتنی بر چند صفت از جمله SIIG، FAI-BLUP و MGIDI غربال شدند. نتایج این تحقیق نشان داد که به‌کارگیری روش‌های نوین گزینش مانند MGIDI، FAI-BLUP و SIIG می‌تواند به شناسایی ژنوتیپ‌های پربازده و با صفات زراعی مطلوب کمک کند. همبستگی بین صفات بررسی شده و شاخص‌های SIIG، FAI-BLUP و MGIDI نشان داد که به‌جز FAI-BLUP، دو شاخص دیگر دارای همبستگی معنی‌داری با عملکرد دانه بودند. به‌طور کلی، نتایج مطالعه آن‌ها حاکی از آن بود که در شرایط مورد بررسی، همه شاخص‌ها عملکرد مشابه و قابل قبولی در مقایسه با هم داشتند. هنگامی که اثر GEI در پژوهش‌های زراعی معنی‌دار باشد، روش‌های آماری چندمتغیره ابزار مفیدی برای استخراج الگوهای برهمکنش ژنوتیپ‌ها با محیط هستند.

استفاده از روش‌های چندمتغیره نظیر تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای در گیاهان مختلف زراعی به‌منظور شناسایی رقم‌ها و ژنوتیپ‌های متحمل در مطالعات متعددی گزارش شده است (Abd El-Mohsen *et al.*, 2015; Oliveira *et al.*, 2020; Aswidinnoor Karimizadeh *et al.*, 2023). کریمی‌زاده و همکاران (et al., 2006) نه هیبرید جدید ذرت و ۳۰۱ هیبرید

شاهد را به مدت دو سال در چهار منطقه مورد ارزیابی قرار دادند. نتایج نشان داد که تجزیه خوشه‌ای مدل‌های اول و سوم و همچنین مدل‌های دوم و چهارم ارائه شده توسط لین و باتلر (Lin & Buthler, 1990) تقریباً مشابه بود. این محققین اظهار داشتند که می‌توان از تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی مکان‌ها نیز استفاده کرد. بر اساس لین و باتلر (Lin & Buthler, 1990) ماتریس ضرایب فاصله در مدل‌های اول و دوم مقادیر صورت آزمون F در جدول رگرسیون و در مدل‌های سوم و چهارم مربع فاصله اقلیدسی داده‌های تصحیح شده برای میانگین‌های ژنوتیپی است. در مطالعه طهماسبی و همکاران (Tahmasebi *et al.*, 2018)، به منظور بررسی ارتباط بین شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی و گروه‌بندی آن‌ها در گندم نان از روش تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های استفاده شد. اولین و دومین مؤلفه به ترتیب ۶۳/۷۷ و ۳۵/۴۳ درصد و در مجموع ۹۹/۲۰ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند. نتایج بای‌پلات حاصل از دو مؤلفه اصلی اول و دوم، شاخص‌های مختلف تحمل به خشکی را در سه گروه قرار داد و نتایج نشان داد که شاخص‌های GMP, YI, HM و STI بیش‌ترین همبستگی را با عملکرد دانه تحت هر دو شرایط تنش و بدون تنش داشتند. رضایی نیا و همکاران (Rezaeinia *et al.*, 2022) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه علیت نشان دادند که تعداد دانه در بوته و عملکرد زیستی در شرایط آبیاری مطلوب و همچنین عملکرد زیستی و شاخص برداشت در شرایط آبیاری محدود، از مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد دانه هستند. تجزیه به عامل‌ها چهار عامل را در هر دو شرایط آبیاری مطلوب و محدود شناسایی کرد که به ترتیب ۸۰،۳۳ و ۷۹،۹۳ درصد از تغییرات را توجیه کردند. عامل اول به عنوان عامل عملکرد نام‌گذاری و بر اساس نمودار بای‌پلات، رقم‌های برتر در شرایط آبیاری مطلوب و آبیاری محدود انتخاب شدند. همچنین، با تجزیه خوشه‌ای رقم‌ها به چهار و پنج گروه تقسیم شدند که نتایج آن با گروه‌بندی‌های به‌دست آمده از نمودار بای‌پلات مطابقت داشت.

با توجه با اینکه روش تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) مرتبط با مفهوم زراعی (دینامیک) پایداری است، بنابراین گسترش استفاده از این روش در برنامه‌های به‌نژادی محصولات زراعی می‌تواند سبب بهبود فرآیند انتخاب ژنوتیپ پایدار شود. همچنین، روش مناسبی جهت اختصاص ژنوتیپ‌های مطلوب و پایدار به محیط‌های خاص است. رمزی و همکاران (Ramzi *et al.*, 2020) پایداری

۱۸ ژنوتیپ جو را در ۱۲ محیط با استفاده از تجزیه به مختصات اصلی مورد مطالعه قرار دادند و توانستند سه ژنوتیپ را برای محیط‌های کم بازده و یک ژنوتیپ را برای محیط‌های پُر بازده معرفی کنند. همچنین، آسوی دینور و همکاران (Aswidinnoor *et al.*, 2023) پایداری عملکرد زراعی و کیفیت دانه دو رقم ملی و ۱۲ لاین برنج با تیپ گیاهی جدید (New Plant Type) را در هشت محیط بر اساس چندین روش پایداری از جمله تجزیه به مختصات اصلی بررسی و ژنوتیپ‌هایی که بیش‌تر در رأس نمودارهای حاصله قرار گرفتند را به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی کردند. علاوه بر این، بر اساس روش فینلی و ویلکینسون (Finlay & Wilkinson, 1963)، ژنوتیپ‌های G4, G3, G5, G7, G8, G11 و G12 که ضریب رگرسیون (bi) برابر با یک داشتند، به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار طبقه‌بندی شدند، در حالی که در روش ابرهات و راسل (Eberhart & Russell, 1966) فقط G5 و G11 ژنوتیپ‌های پایدار بودند (Aswidinnoor *et al.*, 2023).

الیویرا و همکاران (Oliveira *et al.*, 2020) از روش تحلیل عاملی ماتریس GEI حاصل از مدل‌های مخلوط برای بررسی GEI و پایداری عملکرد علوفه تازه هیبریدهای سورگوم علوفه‌ای در مکان‌ها و سال‌های مختلف استفاده کردند. در مطالعه ایشان GEI بالا مشاهده شد و در تجزیه عاملی سه عامل اول بیش از ۷۹ درصد از واریانس ژنتیکی را توضیح دادند. متغیرهای محیطی (بارندگی، دما، سرعت باد، تابش خورشیدی، ارتفاع و چرخه رشد محصول) همبستگی متوسطی با بارهای عاملی نشان دادند که نشان‌دهنده تأثیر آن‌ها بر GEI بود. تحلیل رگرسیون نهفته (Latent Regression)، هیبریدهایی را که با یک محیط ویژه سازگار بودند و همچنین هیبریدهایی را که به مجموعه‌ای از محیط‌ها پاسخ‌گو بودند، شناسایی کرد. در این مطالعه نتیجه‌گیری شد که مدل‌های تحلیل عاملی به‌طور مؤثر عوامل کلیدی محیطی دخیل در GEI در سورگوم علوفه‌ای را شناسایی کردند. سروثی و همکاران (Sruthi *et al.*, 2024) با هدف انتخاب لاین‌های مقاوم به شوری و با عملکرد بالا، تنوع ژنتیکی ۵۰ ژنوتیپ برنج را در سه فصل تحت شرایط شوری بررسی و تنوع بالای بین ژنوتیپ‌ها را گزارش کردند. آن‌ها با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، سه مؤلفه اصلی شناسایی کردند که به ترتیب ۷۳/۱۹، ۷۰/۳۴ و ۶۴/۸۱ درصد از تنوع کل ژنوتیپ‌ها را به ترتیب در سه فصل زراعی توجیه کردند. عملکرد دانه در بوته، تراکم دانه در خوشه، تعداد کل پنجه

صباغ‌نیا (Sabaghnia, 2012) عنوان کردند که استفاده از روش‌های آماری پیچیده‌تر نظیر AMMI، SHMM و GGE برای تحلیل برهمکنش‌های بین ژنوتیپ و محیط (GEI) در آزمایش‌های چندمحیطی در سال‌های اخیر افزایش یافته است، در حالی که روش‌های ساده‌تر مانند اجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA) و تحلیل عاملی (FA) کمتر مورد استفاده قرار گرفته‌اند. مدل AMMI به‌عنوان ابزاری محبوب در تجزیه پایداری توانایی تفکیک منابع تغییرات (ژنوتیپ، محیط و تعامل GE) را دارد. در مقابل، در روش GGE بای‌پلات، اثر اصلی ژنوتیپ (G) و برهمکنش ژنوتیپ و محیط (GEI) از هم تفکیک نشده است. کانگ (Kang, 2020) معتقد است که از دیدگاه به‌نژادگران و نیز تولیدکنندگان محصولات زراعی، گزینش ژنوتیپ‌ها بر اساس G یا GE به‌تنهایی مد نظر نیست و بنابراین بررسی این دو اثر باید به‌صورت توأم صورت گیرد. به‌همین دلیل، یان و کانگ (Yan & Kang, 2003) اعتقاد دارند که روش GGE بای‌پلات از نظر تجزیه داده‌های ژنوتیپ در محیط از روش AMMI موفق‌تر است. همچنین نتایج GGE بای‌پلات در بررسی سازگاری و پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، به‌دلیل سهولت در تفسیر نتایج گرافیکی، کارآمدتر و کاربردی‌تر است (Kang, 2020). انیو و همکاران (Enyew et al., 2021) از این دو روش برای تعیین ژنوتیپ‌های مطلوب از بین ۳۲۰ توده سورگوم در سه محیط در اتیوپی استفاده و در نهایت پنج ژنوتیپ را به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار و پُرمحصول در محیط‌های آزمایشی معرفی کردند. در مطالعه احیایی و همکاران (Ehyaei et al., 2022) اثر برهمکنش ژنوتیپ و محیط بر عملکرد دانه ۲۰ ژنوتیپ گندم نان در پنج منطقه طی دو سال بررسی شد. در این تحقیق، نتایج مدل‌های AMMI، شاخص پایداری AMMI (AMMI; ASV; Stability Value)، شاخص پایداری ژنوتیپ (GSI; Genotype Selection Index) و GGE-Biplot مورد مقایسه قرار گرفتند. نتایج نشان داد که تمامی این شاخص‌ها برای ارزیابی عملکرد مناسب هستند، اما بای‌پلات GGE به‌عنوان ابزاری کارآمدتر و قابل فهم‌تر برای ارزیابی سازگاری و پایداری عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف شناخته می‌شود. این برتری به‌دلیل سهولت تفسیر نتایج گرافیکی است که اطلاعات روشی را ارائه می‌دهد. از سوی دیگر، گوچ و همکاران (Gauch et al., 2008) به انتقاد از ساختار بای‌پلات GGE به‌دلیل

و تعداد پنجه‌های بارور، همبستگی مثبت و معنی‌داری با مولفه اصلی اول در مراحل مختلف رشد داشتند که نقش حیاتی آن‌ها را در توجیه تنوع ژنتیکی میان ژنوتیپ‌ها نشان داد. ارتفاع بوته، طول خوشه و وزن صد دانه نیز به‌عنوان عوامل اصلی مؤثر بر تنوع شناخته شدند. نمودارهای دو بعدی PCA به‌طور مداوم همبستگی‌های مثبت بین عملکرد دانه و صفاتی مانند طول خوشه، وزن صد دانه و توانایی پنجه‌زنی را نشان دادند. به‌طور کلی، ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا بر اساس PCA جهت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی برنج شناسایی شدند.

توانایی بالای مدل SHMM در دسته‌بندی محیط‌ها و ژنوتیپ‌ها در بسیاری از تحقیقات گزارش شده است (Esmailzadeh-Moghaddam et al., 2018; Barati et al., 2020). نجفی میرک و همکاران (Najafi Mirak et al., 2024). به‌منظور ارزیابی پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم در پنج محیط و طی دو سال، از روش‌های SHMM و GGE استفاده و محیط‌های مورد مطالعه را به دو گروه محیطی دسته‌بندی کردند. نتایج نشان داد که دسته‌بندی محیط‌ها بر اساس مدل SHMM به‌طور کامل با نتایج مدل GGE بای‌پلات همخوانی دارد. بای‌پلات GGE به‌طور گسترده جهت ارزیابی پایداری صفات مختلف در گیاهان زراعی مختلف به‌کار گرفته شده است. برای نمونه، از بای‌پلات GGE برای تحلیل پایداری عملکرد دانه در گیاهان زراعی مانند چاودار (Farshadfar et al., 2012)، ارزن (Zhang et al., 2016)، جو (Maniruzzaman et al., 2019)، گندم نان تحت شرایط تنش خشکی و دمای بالا (Ram et al., 2020)، گندم دوروم تحت شرایط دیم (Karimizadeh et al., 2020, 2021)، سورگوم (da Silva et al., 2021)، گندم بهاره (Senguttuvel et al., 2021)، جو دوسر (Kebede et al., 2023)، کینوا (Jokarfar et al., 2024)، هیبریدهای ذرت (Gonçalves et al., 2025) و همچنین کیفیت بذر در گندم دوروم (Gerema et al., 2024)، استفاده شده است. تعداد محیط‌ها و ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی در این مطالعات، بسیار متنوع بوده و از چند محیط و ژنوتیپ تا آزمایش‌های گسترده‌تر با ده‌ها مکان و صدها ژنوتیپ را شامل می‌شود. این تنوع گسترده در تعداد ژنوتیپ‌ها، محیط‌ها، اهداف و کاربردها، انعطاف‌پذیری بالای روش GGE-Biplot را در تحلیل برهم‌کنش‌های ژنوتیپ و محیط در شرایط مختلف کشاورزی نشان می‌دهد.

تجزیه $G+GE$ پرداختند، اما در عین حال اعلام کردند که این بای‌پلات‌ها می‌توانند $G + GE$ را به شکل دقیق‌تری نسبت به مدل AMMI تجزیه و تحلیل کنند.

تحلیل‌های GGE-Biplot به‌طور گسترده‌ای برای بررسی رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها، شناسایی ابرمحیط‌ها و تعیین تمایز و نمایندگی در محیط‌های مختلف مورد استفاده قرار گرفته است (Verma *et al.*, 2015)، در حالی که در یک محیط چندبعدی، مدل AMMI قادر است تعاملات GEI را بهتر شناسایی کند و آن‌ها را با استفاده از بای‌پلات به تصویر بکشد. هر دو مدل AMMI و GGE در بسیاری از مطالعات برای بررسی الگوهای برهمکنش در آزمایش‌های چندمحیطی و شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار غلات مختلف، از جمله گندم با موفقیت استفاده شده‌اند (Singh *et al.*, 2019; Hilmarsson *et al.*, 2021; Khan *et al.*, 2021). در تحقیق تین و همکاران (Tanin *et al.*, 2022)، عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌های گندم از جنبه‌های عملکرد دانه، محتوای پروتئین دانه و صفات دیگر در چهار مکان مختلف با استفاده از تحلیل‌های آماری تک‌متغیره و چندمتغیره مانند AMMI و بای‌پلات GGE بررسی شد. نتایج نشان داد که تحلیل‌های مختلف از نظر پایداری ژنوتیپ‌ها، نتایج مشابهی ارائه دادند، اما از نظر رتبه‌بندی ژنوتیپ‌های برتر، نتایج تا حدودی متفاوت بود. همچنین در این تحقیق، بای‌پلات AMMI تمایز محیط‌ها را به‌گونه‌ای متفاوت ارائه کرد، در حالی که بای‌پلات GGE توانایی بیشتری در تحلیل GEI، شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و دسته‌بندی ابرمحیط‌ها داشت. بنابراین، بای‌پلات GGE را به‌عنوان یک روش آماری ارزشمند برای درک عمیق GEI در آزمایش‌های چندمحیطی معرفی کردند. رحمتی و همکاران (Rahmati *et al.*, 2024) از روش‌های AMMI و GGE بای‌پلات برای ارزیابی اثر تعامل ژنوتیپ و محیط (GEI) بر عملکرد دانه در مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌های جدید جو در پنج منطقه مختلف ایران استفاده کردند. نتایج به‌دست آمده قابلیت بالای این روش‌ها را به‌عنوان ابزارهای آماری مؤثر در برنامه‌های اصلاح نژاد جو نشان داد. در مطالعه‌ای که جوکارفرد و همکاران (Jokarfard *et al.*, 2024) انجام دادند، عملکرد دانه ۴۰ ژنوتیپ مختلف کینوا را در دو محیط طی دو سال (۱۴۰۱ و ۱۴۰۲) با استفاده از روش‌های AMMI و GGE بای‌پلات مورد ارزیابی قرار گرفت. این محققین بر اساس نتایج هر دو روش، ژنوتیپ‌های $G5$ ، $G11$ ، $G12$ ، $G13$ ، $G14$ و $G23$ را به‌عنوان ژنوتیپ‌های پرمحصول و

پایدار شناسایی و معرفی کردند. همچنین، ابرمحیط‌ها و محیط ایده‌آل معرفی شدند. در تحقیق ما و همکاران (Ma *et al.*, 2024)، عملکرد ۱۱ هیبرید ذرت در ۱۰ محیط مختلف طی دو سال ۲۰۲۲ و ۲۰۲۳ مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که مدل AMMI و بای‌پلات GGE می‌توانند به‌عنوان ابزارهای مکمل برای ارزیابی جامع عملکرد ذرت عمل کنند. این روش‌ها امکان انتخاب هیبریدهای با کیفیت بالا و پایدار را فراهم می‌آورند و می‌توانند در تسهیل به‌نژادی و تسریع فرآیند انتخاب و همچنین ترویج رقم‌های جدید کمک کند.

محاسبه آماره‌های پایداری

با پیشرفت در علوم کامپیوتر و زبان‌های برنامه‌نویسی، نرم‌افزارها و اسکرپت‌های متنوعی توسعه یافته‌اند که به به‌نژادگران کمک می‌کنند تا اثر GEI را با دقت بیشتری بررسی و بهترین ژنوتیپ‌ها را به‌طور دقیق‌تر انتخاب کنند. از جمله این نرم‌افزارها می‌توان به GGE Biplot، GEA-R، SAS، IRRISTAT، GenStat، GENES، AMMISOFT، STABILITYSOFT و metan تحت نرم‌افزار R اشاره کرد. خلاصه‌ای از قابلیت‌های نرم‌افزارهای ذکر شده در جدول ۲ ارائه شده است.

بسته‌های نرم‌افزاری R که برای تحلیل داده‌های MET طراحی شده‌اند، توانایی محاسبه آماره‌های پایداری را دارند و به‌طور رایگان در دسترس هستند. مجموعه‌ای از این بسته‌ها که برای تجزیه و تحلیل پایداری چندمتغیره طراحی شده‌اند، در جدول ۳ ارائه شده است. علاوه بر این، بسته‌های R مانند agricolae (<https://CRAN.R->) و project.org/package = agricolae (<http://plantbreeding.r-forge.r->) plantbreeding project.org که به‌طور ویژه برای تحلیل MET کدنویسی نشده‌اند، توابع مفیدی برای محاسبه آماره‌های پایداری پارامتری و ناپارامتری ارائه می‌دهند. همچنین باید اشاره کرد که بسته نرم‌افزاری metan ابزاری قدرتمندی به‌منظور تحلیل داده‌های آزمایش‌های چندمحیطی است و طیف گسترده‌ای از روش‌های پایداری پارامتری و غیرپارامتری، از جمله روش‌هایی که در سایر برنامه‌ها در دسترس نیستند، را ارائه می‌دهد. این ابزار تحلیل‌های پیچیده را ساده می‌کند، زمان کدنویسی را کاهش می‌دهد و مستندات روشنی همراه با مثال‌های قابل بازتولید فراهم می‌کند (Olivoto & Lúcio, 2020).

جدول ۲- قابلیت نرم‌افزارهای مختلف برای محاسبه آماره‌های پایداری

Table 2. The capability of different software for computing the stability statistics

Software	Software capabilities	Reference
GGE Biplot	AMMI model, GGE, PCOA	(Yan, 2001)
GENES	Wricke's ecovalence, Regression coefficient, Deviation from regression, Environmental variance, Tai's stability statistics, Shukla's stability variance, Superiority index, AMMI model, GGE	(Cruz, 2013)
GenStat	AMMI model, GGE, PCOA	(http://www.vsni.co.uk) (GENSTAT, 2008)
IRRISTAT	Regression coefficient, Deviation from regression, Pinthus's coefficient of determination, AMMI model, GGE	(https://international-rice-researchinstitute.software.informer.com) (IRRISTAT for Windows, 2021)
AMMISOFT	AMMI model, GGE	(Gauch & Moran, 2019)
GEA-R	Wricke's ecovalence, Regression coefficient, Deviation from regression, Tai's stability statistics, Shukla's stability, Pinthus's coefficient of determination, Coefficient of variance, Nassar and Huhn's and Huhn's statistics, Superiority index, AMMI model, GGE	(Pacheco <i>et al.</i> , 2015)
STABILITYSOFT	Mean variance component, GE variance component, Wricke's ecovalence, Regression coefficient, Deviation from, Shukla's stability variance, Coefficient of variance, Nassar and Huhn's and Huhn's statistics, Kang's rank-sum, Thennarasu's non-parametric statistics,	(Pour-Aboughadareh <i>et al.</i> , 2019)
SAS	Mean variance component, GE variance component, Wricke's ecovalence, Regression coefficient, Deviation from regression, Shukla's stability variance, Coefficient of variance, Nassar and Huhn's and Huhn's statistics, Yield stability index, Superiority index, Thennarasu's non-parametric statistics, AMMI model, GGE, PCOA, SHMM, Correspondence Analysis, PCA, FA, CA	(Piepho, 1999; Hussein <i>et al.</i> , 2000; Akbarpour <i>et al.</i> , 2016; Dia <i>et al.</i> , 2016)
R	Most Stability Statistics with Different Packages	(Olivoto & Lúcio, 2020)

جدول ۳- خلاصه‌ای از بسته‌های نرم‌افزاری R برای تحلیل داده‌های MET و نوع آماره‌های پارامتری محاسبه‌شده

Table 3. A summary of R packages for analyzing MET data and the types of calculated parametric statistics

Package name	URL	Description
stability	(https://CRAN.R-project.org/package=stability)	Calculation of AMMI-based stability parameters
ammistability	(https://CRAN.R-project.org/package=ammistability)	Calculation of AMMI and GGE-Biplot methods
gge	(https://CRAN.R-project.org/package=gge)	Calculation of GGE-Biplot
GGEbiplots	(https://CRAN.R-project.org/package=GGEbiplots)	Calculation of GGE-Biplot
ggplot2	(https://CRAN.R-project.org/package=CAinterprTools)	Calculation of GGE-Biplot, PCoA and genotypic response analysis
factoextra	(https://CRAN.R-project.org/package=factoextra)	Calculation of principal component analysis (PCA) and consistency analysis
rYWAASB	(https://CRAN.R-project.org/package=rYWAASB)	Calculation of two-dimensional YxWAASB graph
metan	(https://CRAN.R-project.org/package=metan)	Calculation of WAASB, WAASBY, MTSI and MGDI and facilitating the calculation of FAI-BLUP and SIIG

رهیافت‌های نوین در مطالعات تجزیه پایداری

برای اطمینان از پایداری تولید محصولات کشاورزی، لازم است انواع گسترده‌تری از مواد ژنتیکی گیاهی (ذخایر ژنتیکی) در برنامه‌های به‌نژادی گنجانده شوند تا تنوع و

مقاومت افزایش یابد (Sperling *et al.*, 2001). مطالعات مرتبط با صفات کمی، به‌ویژه شاخص‌های پایداری، به‌دلیل پیچیدگی‌های ذاتی و تأثیر عوامل محیطی، چالش‌های فراوانی را به‌همراه دارند. صفات پیچیده معمولاً تحت تأثیر

چندین مکان ژنی (QTL) قرار دارند و اغلب با شرایط محیطی و سایر صفات مرتبط هستند. این شرایط می‌تواند بر شناسایی و توصیف وراثت و ساختار ژنتیکی این صفات تأثیرگذار باشد. تعیین نشانگرهای مولکولی مرتبط با صفات کمی و شاخص‌های پایداری و سازگاری می‌تواند به شناسایی نواحی ژنومی مسئول GEI کمک کند. علاوه بر این، شناسایی نواحی ژنومی تأثیرگذار بر پایداری می‌تواند فرآیند انتخاب را تسهیل کند (Kang, 2020).

استفاده از مطالعات تحلیل ارتباط در گستره ژنوم (GWAS; Genome-Wide Association Study) این امکان را به محققان می‌دهد تا QTLها را در جمعیت‌های متنوع شناسایی کنند. این روش با بهره‌گیری از تمام رویدادهای نو ترکیب ایجاد شده در طول زمان در جمعیت، به درک بهتری از ساختار ژنتیکی صفات کمک می‌کند. این رویکرد می‌تواند به شناسایی ارتباط بین نشانگرهای ژنتیکی و فنوتیپ‌ها کمک کند و در نتیجه دانش ما در زمینه وراثت این صفات را افزایش دهد (Merrick *et al.*, 2022). درک تعامل QTLها و محیط از اهمیت بالایی برخوردار است، زیرا بیش‌تر QTLهای شناسایی شده در محیط‌های مختلف، پایدار نیستند و تکرارپذیری ارتباطات نشانگر- صفت (Marker Trait Association) به‌میزان زیادی تحت تأثیر GEI قرار دارد. در مطالعاتی که در جو (Ingvordsen *et al.*, 2015)، برنج (Balakrishnan *et al.*, 2016)، سویا (Xavier *et al.*, 2018) و گندم (Alipour *et al.*, 2021) انجام شد، معماری ژنتیکی و پایداری عملکرد دانه با استفاده از روش GWAS بررسی و چندین SNP در کروموزوم‌های مختلف شناسایی شده است که بر میانگین صفات و پایداری آن‌ها تأثیر داشتند. در حال حاضر، برآورد دقیق اثرات افزایشی نشانگرها یا ترکیبات آللی (هاپلو تیپ‌ها) با استفاده از روش پیش‌بینی ژنومی (GP; Genomic Prediction) بر اساس داده‌های ژنوتیپی و فنوتیپی در جمعیت مرجع امکان‌پذیر است. این پیش‌بینی‌ها به به‌نژادگران این امکان را می‌دهد که بدون نیاز به اندازه‌گیری مستقیم فنوتیپ صفات در نسل‌های جدید، ژنوتیپ‌های برتر را در مراحل اولیه انتخاب کنند (Tsai *et al.*, 2020). ترکیب GWAS با پیش‌بینی ژنومی نشان داده است که پایه ژنتیکی پایداری عملکرد، پیچیده‌تر از عملکرد دانه است (Sehgal *et al.*, 2020). به‌همین دلیل، استفاده از مدل‌های آماری پیشرفته، مانند مدل خطی مخلوط (MLM; Mixed Linear Model) و مدل‌های چندجایگاهی نظیر FarmCPU (Fixed &

Random Model Circulating Probability Betesian Information &) BLINK (Unification Linkage-Disequilibrium Iteratively Nested Keywey)، این امکان را به پژوهش‌گران می‌دهد که اثرات واقعی را از اثرات کاذب ناشی از ساختار جمعیتی و عدم تعادل پیوستگی (LD; Linkage Disequilibrium) تفکیک کنند، که به کاهش اثرات منفی کاذب و افزایش قدرت آماری کمک می‌کند. علاوه بر این، توجه به صفات ثانویه که ممکن است با صفات اصلی همبستگی داشته باشند، می‌تواند به کنترل عوامل مخدوش‌کننده کمک کند و قدرت مدل GWAS را، به‌ویژه در مورد صفات مرتبط با پایداری که تحت تأثیر متغیرهای محیطی هستند، افزایش دهد (Merrick *et al.*, 2022).

آینده اصلاح نباتات به همکاری بیش‌تر بین دانشمندان و کشاورزان وابسته است. کشاورزان، که با شرایط محلی کاملاً آشنا هستند، می‌توانند نقش مهمی در شناسایی و توسعه رقم‌های مناسب برای محیط‌های ویژه خود داشته باشند. این رویکرد مشارکتی و غیرمتمرکز به‌ویژه در کشورهای در حال توسعه بسیار مهم است و به استفاده از دانش محلی برای توسعه رقم‌های موردپسند کشاورزان و سازگار با شرایط محلی کمک می‌کند. همچنین، این رویکرد به استفاده مثبت از اطلاعات حاصل از GEI کمک می‌کند (Kang, 2020). به‌طور کلی، آینده مطالعات شاخص‌های پایداری عملکرد در به‌نژادی و بیوتکنولوژی، به‌ویژه در مواجهه با تغییرات اقلیمی و نیاز به تولید محصولات مقاوم و پایدار، به سمت استفاده از فناوری‌های ژنومی و ابزارهای تحلیلی پیشرفته پیش خواهد رفت. با بهره‌گیری از توالی‌یابی کل ژنوم و مطالعات GWAS، شناسایی و ارزیابی صفات پایدار در شرایط محیطی مختلف تسهیل می‌شود. این رویکردها به پژوهش‌گران این امکان را می‌دهد که ساختار ژنتیکی پیچیده صفات را بهتر درک کنند و تعاملات بین صفات و عوامل محیطی را مورد توجه قرار دهند. در نهایت، این پیشرفت‌ها منجر به طراحی برنامه‌های به‌نژادی مؤثرتر و تولید محصولات با کیفیت‌تر و پایدارتر خواهد شد.

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور واضح، انتخاب بهینه ژنوتیپ‌ها برای محیط‌های هدف به‌شدت تحت تأثیر GEI قرار دارد. این مسئله باعث شده است که مدل‌ها و رویکردهای آماری مختلفی برای تجزیه و تحلیل GEI و شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار طی سه دهه گذشته ارائه شود. هر مدل آماری

به‌ویژه در تسریع تجزیه و تحلیل داده‌ها و مقایسه مدل‌ها و روش‌های مختلف، نقش قابل توجهی خواهند داشت و به به‌نژادگران گیاهی کمک خواهند کرد تا انتخاب‌های بهتری در جهت بهبود عملکرد و پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف انجام دهند.

تضاد منافع

نویسندگان تایید می‌کنند که این تحقیق در غیاب هر گونه روابط تجاری یا مالی که می‌تواند به‌عنوان 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 تا کنون 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.

یا معیار پایداری، در واقع یک الگوی ویژه از رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها است که باید در ارزیابی‌های ژنتیکی مد نظر قرار گیرد. بنابراین، به‌نژادگران باید تمامی آماره‌های پایداری و عملکرد را در هر آزمایشی محاسبه و نهایتاً ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس هر دو عامل عملکرد و پایداری انتخاب کنند. مدل‌های مختلفی برای تحلیل GEI در MET‌ها وجود دارد. برخی از این مدل‌ها، سهم ژنوتیپ در واریانس GE را در نظر می‌گیرند، در حالی که برخی دیگر، مثل مدل‌های تک‌متغیره یا چندمتغیره، بر اساس مدل‌های ترکیبی ($G + GE$) عمل می‌کنند. استفاده از مدل‌های مبتنی بر $G + GE$ در محیط‌های وسیع، به‌دلیل افزایش تکرارپذیری میانگین عملکرد، نتایج دقیق‌تری ارائه می‌دهد. علاوه بر این، به‌منظور تصمیم‌گیری بهتر در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر، استفاده از ترکیبی از آماره‌های پایداری پارامتری و ناپارامتری به‌عنوان ابزار تکمیلی می‌تواند مفید باشد. باید توجه داشت که GEI تحت تأثیر عوامل مختلف زیستی و غیرزیستی قرار دارد. این عوامل ممکن است پویا (مانند شیوع بیماری‌ها و آفات)، ایستا (مانند تغییرات دما و بارش) و یا پیچیده باشند. از این‌رو، شناسایی و تجزیه و تحلیل دلایل GEI در هر آزمایش، اهمیت زیادی دارد و باید به‌دقت بررسی شود. در نهایت، با توجه به پیشرفت‌های اخیر در فناوری‌های ژنومیک، از جمله توالی‌یابی کل ژنوم و GWAS، انتظار می‌رود که این فناوری‌ها به درک پیچیدگی‌های ارتباط میان عملکرد محصولات کشاورزی و محیط کمک کنند. این پیشرفت‌ها،

References

- Abd El-Mohsen, A. A., Abd El-Shafi, M. A., Gheith, E. M. S., & Suleiman, H. S. (2015). Using different statistical procedures for evaluating drought tolerance indices of bread wheat genotypes. *Advances in Agriculture & Biology*, 4, 19-30. doi: [10.15192/PSCP.AAB.2015.4.1.193](https://doi.org/10.15192/PSCP.AAB.2015.4.1.193).
- Achenef, G. (2022). Advancement of analytical models quantifying $G \times E$ interactions and stability analysis in multi-environment trial. *International Journal of Research in Agricultural Sciences*, 9(4), 2348-3997.
- Akbarpour, O. A., Dehghani, H., Sorkhi-Lalelo, B., & Kang, M. S. (2016). A SAS macro for computing statistical tests for two-way table and stability indices of nonparametric method from genotype-by-environment interaction. *Acta Scientiarum Agronomy*, 38(1), 35-50. doi: [10.4025/actasciagron.v38i1.26381](https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i1.26381).
- Al-Ashkar, I. (2024). Multivariate analysis techniques and tolerance indices for detecting bread wheat genotypes of drought tolerance. *Diversity*, 16(8), 489. doi: [10.3390/d16080489](https://doi.org/10.3390/d16080489).
- Al-Ashkar, I., Sallam, M., Almutairi, K. F., Shady, M., Ibrahim, A., & Alghamdi, S. S. (2023). Detection of high-performance wheat genotypes and genetic stability to determine complex interplay between genotypes and environments. *Agronomy*, 13(2), 585. doi: [10.3390/agronomy13020585](https://doi.org/10.3390/agronomy13020585).
- Alipour, H., Abdi, H., Rahimi, Y., & Bihamta, M. R. (2021). Dissection of the genetic basis of genotype-by-environment interactions for grain yield and main agronomic traits in Iranian bread wheat landraces and cultivars. *Scientific Reports*, 11, 17742. doi: [10.1038/s41598-021-96576-1](https://doi.org/10.1038/s41598-021-96576-1).

- Asghari, A., Karimizadeh, R., Chinipardaz, R., Sofalian, O., Ghaffari, A., Shahbazi, K., Hosseinpour, T., Ghojog, H., & Armion, M. (2019). Use of principal coordinate analysis for measuring GE interactions in rain-fed durum wheat genotypes. *Journal of Agricultural Sciences*, 25(1), 38-46. doi: [10.15832/ankutbd.538993](https://doi.org/10.15832/ankutbd.538993).
- Aswidinnoor, H., Listiyanto, R., Rahim, S., Holidin, H., Setiyowati, H., Nindita, A., Ritonga, A. W., Marwiyah, S., & Suwarno, W. B. (2023). Stability analysis, agronomic performance, and grain quality of elite new plant type rice lines (*Oryza sativa* L.) developed for tropical lowland ecosystem. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 7, 1147611. doi: [10.3389/fsufs.2023.1147611](https://doi.org/10.3389/fsufs.2023.1147611).
- Balakrishnan, D., Subrahmanyam, D., Badri, J., Raju, A. K., Rao, Y. V., Beerelli, K., Mesapogu, S., & Surapaneni, M. (2016). Genotype $\times$ environment interactions of yield traits in backcross introgression lines derived from *Oryza sativa* cv. Swarna/ *Oryza nivara*. *Frontiers in Plant Science*, 7, 1530. doi: [10.3389/fpls.2016.01530](https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01530).
- Balbaa, M. G., Osman, H. T., Kandil, E. E., Javed, T., Lamlom, S. F., Ali, H. M., Kalaji, H. M., & Wróbel, J. (2022). Determination of morpho-physiological and yield traits of maize inbred lines (*Zea mays* L.) under optimal and drought stress conditions. *Frontiers in Plant Science*, 13, 959203. doi: [10.3389/fpls.2022.959203](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.959203).
- Barati, A., Zali, H., Lakzadeh, I., Koohkan, Sh., Jafarby, J., Hosseinpour, A., Jabari, M., Marzoghiyan, A., & Kheirgo, M. (2020). Evaluation of yield stability of barley promising lines using AMMI and SHMM methods. *Cereal Research*, 10(3), 245-257. [In Persian]. doi: [10.22124/cr.2021.18343.1637](https://doi.org/10.22124/cr.2021.18343.1637).
- Crossa, J. (1990). Statistical analysis of multilocation trials. *Advances in Agronomy*, 44, 55-85. doi: [10.1016/S0065-2113\(08\)60818-4](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60818-4).
- Crossa, J., Cornelius, P., Seyedsadr, M., & Byrne, P. (1993). A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without genotypic rank change. *Theoretical & Applied Genetics*, 85, 577-586. doi: [10.1007/BF00220916](https://doi.org/10.1007/BF00220916).
- Crossa, J., Vargas, M., van Eeuwijk, F. A., Jiang, C., Edmeades, G. O., & Hoisington, D. (1999). Interpreting genotype $\times$ environment interaction in tropical maize using linked molecular markers and environmental covariables. *Theoretical & Applied Genetics*, 99, 611-625. doi: [10.1007/s001220051276](https://doi.org/10.1007/s001220051276).
- Cruz, C. D. (2013). Genes: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35(3), 271-276. doi: [10.4025/actasciagron.v35i3.21251](https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251).
- da Silva, K. J., Teodoro, P. E., da Silva, M. J., Teodoro, L. P. R., Cardoso, M. J., Godinho, V. D. P. C., & de Menezes, C. B. (2021). Identification of mega-environments for grain sorghum in Brazil using GGE biplot methodology. *Agronomy Journal*, 113(4), 3019-3030. doi: [10.1002/agj2.20707](https://doi.org/10.1002/agj2.20707).
- Devi, S., Bhagta, S., & Kumari, N. (2024). Multivariate techniques for research analysis in plant breeding. *Agriallis*, 6(3), 6-10.
- 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 mega-environments and for discriminating yield of watermelon in the U.S. *Crop Science*, 56(4), 1726-1735. doi: [10.2135/cropsci2015.11.0698](https://doi.org/10.2135/cropsci2015.11.0698).
- Ebadi, A. A., Sharifi, P., & Hallajian, M. T. (2022). Stability analysis of grain yield of rice mutants by multivariate methods and superiority index. *Journal of Agricultural Science & Sustainable Production*, 32(2), 313-332. [In Persian]. doi: [10.22034/saps.2021.45415.2668](https://doi.org/10.22034/saps.2021.45415.2668).
- Eberhart, S. A., & Russell, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6(1), 36-40. doi: [10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x](https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x).
- Ehyaei, M., Mostafavi, Kh., Bakhtiar, F., & Mohammadi, A. (2022). Yield stability of bread wheat genotypes using AMMI and GGE biplot analysis. *Cereal Research*, 12(2), 147-165. [In Persian]. doi: [10.22124/CR.2023.23333.1746](https://doi.org/10.22124/CR.2023.23333.1746).
- Enyew, M., Feyissa, T., Geleta, M., Tesfaye, K., Hammenhag, C., & Carlsson, A. S. (2021). Genotype by environment interaction, correlation, AMMI, GGE biplot and cluster analysis for grain yield and other agronomic traits in sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench). *PLoS One*, 16(10), e0258211. doi: [10.1371/journal.pone.0258211](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258211).
- Esmailzadeh-Moghaddam, M., Tahmasebi, S., Ayeneh, G. A. L. A., Akbari Moghadam, H., Mahmoudi, K., Sayyahfar, M., Tabib Ghaffari, S. M., & Zali, H. (2018). Yield stability evaluation of bread wheat promising lines using multivariate methods. *Cereal Research*, 8(3), 333-344. [In Persian]. doi: [10.22124/c.2018.10654.1405](https://doi.org/10.22124/c.2018.10654.1405).

- Farhad, Md., Tripathi, S. B., Singh, R. P., Joshi, A. K., Bhati, P. K., Vishwakarma, M. K., Mondal, S., Malik, A. A., & Kumar, U. (2022). Multi-trait selection of bread wheat ideotypes for adaptation to early sown condition. *Crop Science*, 62(1), 67-82. doi: [10.1002/csc2.20628](https://doi.org/10.1002/csc2.20628).
- Farshadfar, E., Mohammadi, R., Rasoli, V., & Khoshakhlagh, F. (2012). Chromosomal localization of the genes controlling phenotypic stability in rye using GGE-biplot. *Annals of Biological Research*, 3(3), 1345-1356.
- Ferreira, D. F., Demetrio, C. G. B., Manly, B. F. J., Machado, A. A., & Vencovsky, R. (2006). Statistical models in agriculture: Biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. *Cerme Lavras*, 12(4), 373-388.
- 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](https://doi.org/10.1071/AR9630742).
- Flores, F., Moreno, M. T., Martinez, A., & Cubero, J. I. (1996). Genotype-environment interaction in faba bean: comparison of AMMI and principal coordinate models. *Field Crops Research*, 47(2-3), 117-127. doi: [10.1016/0378-4290\(96\)00032-9](https://doi.org/10.1016/0378-4290(96)00032-9).
- Gabriel, K. R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 58(3), 453-467. doi: [10.1093/biomet/58.3.453](https://doi.org/10.1093/biomet/58.3.453).
- Gauch, H. G. (1988). Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics*, 44(3), 705-715. doi: [10.2307/2531585](https://doi.org/10.2307/2531585).
- Gauch, H. G. (1992). Statistical Analysis of Regional Yield Trials: AMMI Analysis of Factorial Designs. Elsevier, Amsterdam.
- Gauch, H. G., & Moran, D. R. (2019). AMMISOFT for AMMI analysis with best practices. *BioRxiv*, 538454. doi: [10.1101/538454](https://doi.org/10.1101/538454).
- Gauch, H. G., Piepho, H. P., & Annicchiarico, P. (2008). Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Science*, 48(3), 866-889. doi: [10.2135/cropsci2007.09.0513](https://doi.org/10.2135/cropsci2007.09.0513).
- Gauch, H. G., & Zobel, R. W. (1988). Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. *Theoretical & Applied Genetics*, 76, 1-10. doi: [10.1007/BF00288824](https://doi.org/10.1007/BF00288824).
- GENSTAT. (2008). GENSTAT, 12th Edition. VSN International Ltd. Hemel Hempstead, UK. Available online: <http://www.vsn.co.uk>.
- Gerema, G., Mengistu, G., Bayisa, T., & Balcha, U. (2024). Application of univariate, multivariate, and mixed models to the stability analysis of Ethiopian tetraploid wheat cultivars under irrigation condition. *Agronomy for Sustainable Development*, 44(1), 20574. doi: [10.1002/agg2.20574](https://doi.org/10.1002/agg2.20574).
- Gonçalves, V. M. L., Crevelari, J. A., Catarina, R. S., de Souza, Y. P., & Pereira, M. G. (2025). Adaptability and stability analysis via GGE biplot in single, double, and interpopulation maize hybrids. *Scientific Reports*, 15, 5065. doi: [10.1038/s41598-025-89416-z](https://doi.org/10.1038/s41598-025-89416-z).
- Gower, J. C. (1967). Multivariate analysis and multidimensional geometry. *Statistician*, 17(1), 13-28. doi: [10.2307/2987199](https://doi.org/10.2307/2987199).
- Hanson, W. D. (1970). Genotypic stability. *Theoretical & Applied Genetics*, 40(5), 226-231. doi: [10.1007/BF00285245](https://doi.org/10.1007/BF00285245).
- Hatami Maleki, H., Darvishzadeh, R., & Zeinalzadeh-Tabrizi, H., (2024a). Identification of resistance sources against *Orobanche cernua* in tobacco germplasm. *Journal of Crop Health*, 76(3), 701-711. doi: [10.1007/s10343-024-00987-9](https://doi.org/10.1007/s10343-024-00987-9).
- Hatami Maleki, H., Vaezi, B., Jozeyan, A., Mirzaei, A., Darvishzadeh, R., Dashti, S., Abdi, H., & Zeinalzadeh-Tabrizi, H. (2024b). Deciphering genotype-by-environment interaction of grass pea genotypes under rainfed conditions and emphasizing the role of monthly rainfall. *BMC Plant Biology*, 24(1), 559. doi: [10.1186/s12870-024-05256-5](https://doi.org/10.1186/s12870-024-05256-5).
- Hatami Maleki, H., Vaezi, B., Jozeyan, A., Mirzaei, A., Darvishzadeh, R., Dashti, S., Arshad, M., Zeinalzadeh-Tabrizi, H., & Kordrostami, M. (2025). Grass pea dual purpose dry matter and seed yields in rainfed conditions across diverse environments. *Scientific Reports*, 15, 4960. doi: [10.1038/s41598-025-89050-9](https://doi.org/10.1038/s41598-025-89050-9).
- Hayward, A. D., Bosemark, N., & Romagosa, I. (1993). Plant Breeding. Chapman & Hall, UK.
- Hilmarsson, H. S., Rio, S., & Sanchez, J. I. (2021). Genotype by environment interaction analysis of agronomic spring barley traits in Iceland using AMMI, factorial regression model and linear mixed model. *Agronomy*, 11(3), 499. doi: [10.3390/agronomy11030499](https://doi.org/10.3390/agronomy11030499).
- Hussein, M. A., Bjornstad, A. S., & Aastveit, A. H. (2000). SASG × ESTAB: A SAS program for computing genotype × environment stability statistics. *Agronomy Journal*, 92(3), 454-459. doi: [10.2134/agronj2000.923454x](https://doi.org/10.2134/agronj2000.923454x).
- Ingvorsen, C. H., Backes, G., Lyngkjaer, M. F., Peltonen-Sainio, P., Jahoor, A., Mikkelsen, T. N., & Jørgensen, R. B. (2015). Genome-wide association study of production and stability traits in barley

- cultivated under future climate scenarios. *Molecular Breeding*, 35, 84. doi: [10.1007/s11032-015-0287-5](https://doi.org/10.1007/s11032-015-0287-5).
- IRRISTAT for Windows. (2021). Biometrics Unit. International Rice Research Institute. Available online: <https://international-rice-research-institute.software.informer.com>.
- Jobson, J. D. (1992). *Applied Multivariate Data Analysis: Volume II*. Springer-Verlag, New York, INC. 731 p.
- Johnson, R. A., & Wichern, D. W. (1992). *Applied Multivariate Statistical Analysis*. Third Edition. Prentice Hall.
- Jokarfarad, V., Rabiei, B., Laki, E. S., & Börner, A. (2024). Stability and adaptability of grain yield in quinoa genotypes in four locations of Iran. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1487106. doi: [10.3389/fpls.2024.1487106](https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1487106).
- Jolliffe, I. T. (1986). Principal Component Analysis and Factor Analysis. In: *Principal Component Analysis*. Springer, New York. pp: 115-128. doi: [10.1007/978-1-4757-1904-8_7](https://doi.org/10.1007/978-1-4757-1904-8_7).
- Kaiser, H. F. (1958). The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. *Psychometrika*, 23, 187-200. doi: [10.1007/BF02289233](https://doi.org/10.1007/BF02289233).
- Kang, M. S. (2020). Genotype-environment interaction and stability analyses: An update. In: Kang, M. S. (Ed.). *Quantitative Genetics, Genomics, and Plant Breeding*. Second Edition. CABI. pp: 140-161. doi: [10.1079/9781789240214.0140](https://doi.org/10.1079/9781789240214.0140).
- Karimizadeh, R., Dehghani, H., & Dehghanpour, Z. (2006). Using cluster analysis for stability of maize hybrids. *Journal of Crop Production & Processing*, 10(3), 337-348. doi: [20.1001.1.24763594.1385.10.3.27.6](https://doi.org/20.1001.1.24763594.1385.10.3.27.6).
- Karimizadeh, R., Hosseinpour, T., Alt Jafarby, J., Shahbazi Homonlo, K., & Armion, M. (2020). Evaluation of genotype $\times$ 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. doi: [10.52547/pgr.7.2.3](https://doi.org/10.52547/pgr.7.2.3).
- Karimizadeh, R., Hoseinpour, T., Alt Jafarby, J., Shahbazi Homonloo, K., Armion, M., & Sharifi, P. (2021). Grain yield stability analysis of durum wheat genotypes using GGE biplot model in rainfed conditions. *Iranian Dryland Agronomy Journal*, 9(2), 217-235. doi: [10.22092/idadj.2020.343312.310](https://doi.org/10.22092/idadj.2020.343312.310).
- Kebede, G., Worku, W., Jifar, H., & Feyissa, F. (2023). GGE biplot analysis of genotype by environment interaction and grain yield stability of oat (*Avena sativa* L.) in Ethiopia. *Agrosystems, Geosciences & Environment*, 6, e20410. doi: [10.1002/agg2.20410](https://doi.org/10.1002/agg2.20410).
- Khan, M. M. H., Rafii, M. Y., Ramlee, S. I., Jusoh, M., & Al Mamun, M. (2021). AMMI and GGE biplot analysis for yield performance and stability assessment of selected Bambara groundnut (*Vigna subterranea* L. Verdc.) genotypes under the multi-environmental trials (METs). *Scientific Reports*, 11, 22791. doi: [10.1038/s41598-021-01411-2](https://doi.org/10.1038/s41598-021-01411-2).
- Lima, G. W., Silva, C. M., Mezzomo, H. C., Casagrande, C. R., Olivoto, T., Borem, A., & Nardino, M. (2022). Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via multitrait index. *Agronomy Journal*, 114(2), 887-899. doi: [10.1002/agg2.20991](https://doi.org/10.1002/agg2.20991).
- Lin, C. S., & Butler, G. (1990). Cluster analysis for analyzing two-way classification data. *Agronomy Journal*, 82(2), 344-348. doi: [10.2134/agronj1990.00021962008200020034x](https://doi.org/10.2134/agronj1990.00021962008200020034x).
- Lin, C. S., & Thompson, B. (1975). An empirical method of grouping genotypes based on a linear function of the genotype-environment interaction. *Heredity*, 34, 255-263. doi: [10.1038/hdy.1975.28](https://doi.org/10.1038/hdy.1975.28).
- Ma, C., Liu, C., & Ye, Z. (2024). Influence of genotype $\times$ environment interaction on yield stability of maize hybrids with AMMI model and GGE biplot. *Agronomy*, 14(5), 1000. doi: [10.3390/agronomy14051000](https://doi.org/10.3390/agronomy14051000).
- Maniruzzaman, M. Z., Islam, F., Begum, M. A. A., Khan, M., Amiruzzaman, M., & Hossain, A. (2019). Evaluation of yield stability of seven barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes in multiple environments using GGE biplot and AMMI model. *Open Agriculture*, 4, 284-293. doi: [10.1515/opag-2019-0027](https://doi.org/10.1515/opag-2019-0027).
- Manly, B. F., Alberto, J. A. N., & Gerow, K. (2024). *Multivariate Statistical Methods: A Primer*. Chapman and Hall, CRC Press.
- Merrick, L. F., Burke, A. B., Zhang, Z., & Carter, A. H. (2022). Comparison of single-trait and multi-trait genome-wide association models and inclusion of correlated traits in the dissection of the genetic architecture of a complex trait in a breeding program. *Frontiers in Plant Science*, 12, 772907. doi: [10.3389/fpls.2021.772907](https://doi.org/10.3389/fpls.2021.772907).
- Meyer, K. (2009). Factor-analytic models for genotype $\times$ environment type problems and structured covariance matrices. *Genetics Selection Evolution*, 41(1), 21. doi: [10.1186/1297-9686-41-21](https://doi.org/10.1186/1297-9686-41-21).

- Mungomery, V. E., Shorter, R., & Byth, D. E. (1974). Genotype $\times$ environment interactions and environmental adaptation. I. Pattern analysis - Application to soya bean populations. *Australian Journal of Agricultural Research*, 25, 59-72.
- Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Siahfar, M., Farzadi, H., Sasani, S., & Zali, H. (2024). Stability analysis of durum wheat yield using SHMM and GGE biplot models. *Plant Production*, 47(2), 161-478. [In Persian]. doi: [10.22055/ppd.2024.46214.2144](https://doi.org/10.22055/ppd.2024.46214.2144).
- Nataraj, V., Bhartiya, A., Singh, C. P., Devi, H. N., Deshmukh, M. P., Verghese, P., & Gupta, S. (2021). WAASB-based stability analysis and simultaneous selection for grain yield and early maturity in soybean. *Agronomy Journal*, 113(4), 3089-3099. doi: [10.1002/agi2.20753](https://doi.org/10.1002/agi2.20753).
- Nikzadeh Talebi, B., & Rabiei, B. (2025). Assessing grain yield stability of rice promising lines using GGE-biplot analysis. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 56(1), 37-50. [In Persian]. doi: [10.22059/ijfcs.2024.375029.655075](https://doi.org/10.22059/ijfcs.2024.375029.655075).
- Oliveira, I. C. M., Guilhen, J. H. S., Ribeiro, P. C. O., Gezan, S. A., Schaffert, R. E., Simeone, M. L. F., & Parrella, R. A. C. (2020). Genotype-by-environment interaction and yield stability analysis of biomass sorghum hybrids using factor analytic models and environmental covariates. *Field Crops Research*, 257, 107929. doi: [10.1016/j.fcr.2020.107929](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2020.107929).
- Olivoto, T., & Lúcio, A. D. C. (2020). metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology & Evolution*, 11(6), 783-789. doi: [10.1111/2041-210X.13384](https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384).
- Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, 37(10), 1383-1389. doi: [10.1093/bioinformatics/btaa981](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981).
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A. G., Marchioro, V. S., de Souza, V. Q., & Jost, E. (2019a). 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/agronj2019.03.0220](https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220).
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., da Silva, J. A., Sari, B. G., & Diel, M. I. (2019b). Mean performance and stability in multi-environment trials II: Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961-2969. doi: [10.2134/agronj2019.03.0221](https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221).
- Pacheco, Á., Vargas, M., Alvarado, G., Rodríguez, F., Crossa, J., & Burgueño, J. (2015). GEA-R: Genotype $\times$ environment analysis with R for windows. version 4.1.
- Padmaja, P. G., Kalaisekar, A., Tonapi, V. A., & Madhusudhana, R. (2022). A multi-season analysis of barnyard millet (*Echinochloa frumentacea*) germplasm lines for shoot fly resistance and multi-trait stability. *Plant Breeding*, 141, 399-407. doi: [10.1111/pbr.13011](https://doi.org/10.1111/pbr.13011).
- Piepho, H. P. (1999). Stability analysis using the SAS system. *Agronomy Journal*, 91(1), 154-160. doi: [10.2134/agronj1999.00021962009100010024x](https://doi.org/10.2134/agronj1999.00021962009100010024x).
- Pour-Aboughadareh, A., Barati, A., Koohkan, S. A., Jabari, M., Marzoghian, A., Gholipoor, A., Shabazi Homonloo, K., Zali, H., Poodineh, O., & Kheirgo, M. (2022). 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](https://doi.org/10.1186/s42269-022-00703-5).
- Pour-Aboughadareh, A., Sanjani, S., Nikkhah-Chamanabad, H., Mehrvar, M. R., Asadi, A., & Amini, A. (2021). Identification of salt-tolerant barley genotypes using multiple-trait index and yield performance at the early growth and maturity stages. *Bulletin of the National Research Centre*, 45(1), 117. doi: [10.1186/s42269-021-00576-0](https://doi.org/10.1186/s42269-021-00576-0).
- Pour-Aboughadareh, A., Yousefian, M., Moradkhani, H., Pocza, P., & Siddique, K. H. (2019). STABILITYSOFT: A new online program to calculate parametric and non-parametric stability statistics for crop traits. *Applications in Plant Sciences*, 7(1), e01211. doi: [10.1002/aps3.1211](https://doi.org/10.1002/aps3.1211).
- Purchase, J. L. (1997). Parametric analysis to describe genotype-environment interaction and yield stability in winter wheat. Ph.D. Dissertation. University of the Free State. South Africa.
- Rahmati, S., Azizi-Nezhad, R., Pour-Aboughadareh, A., Etminan, A., & Shoostari, L. (2024). Analysis of genotype-by-environment interaction effect in barley genotypes using AMMI and GGE biplot methods. *Heliyon*, 10(18), e38131. doi: [10.1016/j.heliyon.2024.e38131](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e38131).
- Ram, K., Munjal, R., Kesh, H., & Nyol, S. (2020). AMMI and GGE biplot analysis for yield stability of wheat genotypes under drought and high temperature stress. *International Journal of Current Microbiology & Applied Sciences*, 9(5), 377-389. doi: [10.20546/ijcmas.2020.905.043](https://doi.org/10.20546/ijcmas.2020.905.043).
- Ramzi, E., Asghari, A., Sofalian, O., Mehraban, A., & Ebadi, A. (2020). Evaluation of seed yield stability of barley promising genotypes using principal coordinates analysis. *Journal of Plant Physiology & Breeding*, 10(2), 59-68. doi: [10.22034/jppb.2020.13195](https://doi.org/10.22034/jppb.2020.13195).
- Rezaeinia, M., Bihamta, M. R., Peighambari, S. A., Abbasi, A. R., & Ataei, R. (2022). Evaluation of the diversity of agro-morphological traits of barley under optimal and limited irrigation conditions

- and grouping its foreign germplasm using multivariate statistical methods. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(3), 121-133. doi: [10.22059/IJFCS.2021.320026.654809](https://doi.org/10.22059/IJFCS.2021.320026.654809).
- Rocha, J. R. A. S. C. R., Machado, J. C., & Carneiro, P. C. S. (2018). Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *GCB Bioenergy*, 10, 52-60. doi: [10.1111/gcbb.12443](https://doi.org/10.1111/gcbb.12443).
- Rodrigues, P. C. (2018). An overview of statistical methods to detect and understand genotype-by-environment interaction and QTL-by-environment interaction. *Biometrical Letters*, 55(2), 123-138. doi: [10.2478/bile-2018-0009](https://doi.org/10.2478/bile-2018-0009).
- Roostaie, M., Jafarzadeh, J., Roohi, E., Nazary, H., Rajabi, R., Haghparast, R., & Mirfatah, S. M. M. (2021). Grouping patterns of rainfed winter wheat test locations and the role of climatic variables. *Euphytica*, 217(9), 183. doi: [10.1007/s10681-021-02879-1](https://doi.org/10.1007/s10681-021-02879-1).
- Roy, D. (2012). *Biometrical Genetics: Analysis of Quantitative Variation*. Alpha Science International Ltd. Oxford, UK. 410 p.
- Sabaghnia, N. (2012). Multivariate statistical analysis of genotype $\times$ environment interaction in multi-environment trials of breeding programs. *Agriculture & Forestry*, 56(1-4), 19-38.
- Santos, F., & Marza, F. (2020). Selection of forage oat genotypes through GGE Biplot and BLUP. *BioRxiv*, 03(10), 986422. doi: [10.1101/2020.03.10.986422](https://doi.org/10.1101/2020.03.10.986422).
- Sehgal, D., Rosysrs, U., Mondal, S., Singh, R., Poland, J., & Dreisigacker, S. (2020). Incorporating genome-wide association mapping results into genomic prediction models for grain yield and yield stability in CIMMYT spring bread wheat. *Frontiers in Plant Science*, 11, 197. doi: [10.3389/fpls.2020.00197](https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00197).
- Senguttuvel, P., Sravanraju, N., Jaldhani, V., Divya, B., Beulah, P., Nagaraju, P., Manasa, Y., Prasad, A. S. H., Brajendra, P., Gireesh, C., Anantha, M. S., Suneetha, K., Sundaram, R. M., Sheshu Madhav, M., Tuti, M. D., Subbarao, L. V., Neeraja, C. N., Bhadana, V. P., Rao, P. R., Voleti, S. R., & Subrahmanyam, D. (2021). Evaluation of genotype by environment interaction and adaptability in lowland irrigated rice hybrids for grain yield under high temperature. *Scientific Reports*, 11(1), 15825. doi: [10.1038/s41598-021-95264-4](https://doi.org/10.1038/s41598-021-95264-4).
- Seyedsadr, M., & Cornelius, P. L. (1992). Shifted multiplicative model for nonadditive two-way tables. *Communications in Statistics - Simulation & Computation*, 21(3), 807-822. doi: [10.1080/03610919208813051](https://doi.org/10.1080/03610919208813051).
- Sharifi, P., Erfani, A., Abbasian, A., & Mohaddesi, A. (2020). Stability of some rice genotypes based on WAASB and MTSI indices. *Iranian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 9(2), 1-11. doi: [10.30479/IJGPB.2021.14432.1283](https://doi.org/10.30479/IJGPB.2021.14432.1283).
- Shiri, M., Moharramnejad, S., Estakhr, A., Fareghi, Sh., Najafinezhad, H., Khavari Khorasani, S., Afarinesh, A., Anvari, K., & Eshraghi-Nejad, M. (2024). Determining the stability of new maize hybrids with WAASBY and MTSI indices. *Journal of Crop Breeding*, 16(2), 14-28. [In Persian]. doi: [10.61186/jcb.16.2.14](https://doi.org/10.61186/jcb.16.2.14).
- Shirzad, A., Asghari, A., Zali, H., Sofalian, O., & Mohammaddoust Chamanabad, H. (2022). Application of the multi-trait genotype-ideotype distance index in the selection of top barley genotypes in the warm and dry region of Darab. *Journal of Crop Breeding*, 14, 65-76. [In Persian]. doi: [10.52547/jcb.14.44.65](https://doi.org/10.52547/jcb.14.44.65).
- Singamsetti, A., Shahi, J. P., Zaidi, P. H., Seetharam, K., Vinayan, M. T., Kumar, M., Singla, S., Shikha, K., & Madankar, K. (2021). Genotype $\times$ environment interaction and selection of maize (*Zea mays* L.) hybrids across moisture regimes. *Field Crops Research*, 270, 108224. doi: [10.1016/j.fcr.2021.108224](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2021.108224).
- Singh, C., Gupta, A., Gupta, V., Kumar, P., Sendhil, R., Tyagi, B. S., Singh, G., Chateath, R., & Singh, G. P. (2019). Genotype $\times$ environment interaction analysis of multi-environment wheat trials in India using AMMI and GGE biplot models. *Crop Breeding & Applied Biotechnology*, 19(3), 309-318. doi: [10.1590/1984-70332019v19n3a43](https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n3a43).
- Sperling, L., Ashby, J., Weltzien, E., Smith, M., & McGuire, S. (2001). Base-broadening for client-oriented impact: Insights drawn from participatory plant breeding field experience. In: Cooper, H. D., Spillane, C., & Hodgkins, T. (Eds.). *Broadening the Genetic Bases of Crop Production*. CAB International. pp: 419-435.
- Sruthi, S. R., Laleeth, K. N., Kishore, D., Ivin, J. S., & Anbuselvam, Y. (2024). Principal component analysis in rice (*Oryza sativa* L.) varieties for three seasons in Annamalai Nagar, an east coast region of Tamil Nadu. *Plant Science Today*, 11(4), 634-639. doi: [10.14719/pst.4105](https://doi.org/10.14719/pst.4105).
- Taghizadeh, A. A., Aminian Dehkordi, R., & Zeinanloo, A. A. (2020). Estimation of compatibility of some olive cultivars and genotypes in tarom climate conditions using non-parametric methods.

- Iranian Journal of Horticultural Science*, 51(3), 657-668. [In Persian]. doi: [10.22059/ijhs.2019.283230.1662](https://doi.org/10.22059/ijhs.2019.283230.1662).
- Tahmasebi, S., Dastfal, M., Zali, H., & Rajaie, M. (2018). Rough tolerance evaluation of bread wheat cultivars and promising lines in the warm and dry climate of the south. *Cereal Research*, 8(2), 209-225. doi: [10.22124/c.2018.10434.1398](https://doi.org/10.22124/c.2018.10434.1398).
- Tanin, M. J., Sharma, A., Saini, D. K., Singh, S., Kashyap, L., Srivastava, P., Mavi, G. S., Kaur, S., Kumar, V., Kumar, V., Grover, G., Chhuneja, P., & Sohu, V. S. (2022). Ascertaining yield and grain protein content stability in wheat genotypes having the *Gpc-B1* gene using univariate, multivariate, and correlation analysis. *Frontiers in Genetics*, 13, 1001904. doi: [10.3389/fgene.2022.1001904](https://doi.org/10.3389/fgene.2022.1001904).
- Tekaia, (2016). Genome data exploration using correspondence analysis. *Bioinformatics & Biology Insights*, 10, 59-72. doi: [10.4137/BBI.S39614](https://doi.org/10.4137/BBI.S39614).
- Tsai, H. Y., Janss, L. L., Andersen, J. R., Orabi, J., Jensen, J. D., Jahoor, A., & Jensen, J. (2020). Genomic prediction and GWAS of yield, quality and disease-related traits in spring barley and winter wheat. *Scientific Reports*, 10, 3347. doi: [10.1038/s41598-020-60248-7](https://doi.org/10.1038/s41598-020-60248-7).
- Verma, A., Chatrath, R., & Sharma, I. (2015). AMMI and GGE biplots for G×E analysis of wheat genotypes under rainfed conditions in central zone of India. *Journal of Applied & Natural Science*, 7(2), 656-661. doi: [10.31018/jans.v7i2.662](https://doi.org/10.31018/jans.v7i2.662).
- Westcott, B. (1986). Some methods of analyzing genotype-environment interaction. *Heredity*, 56, 243-253. doi: [10.1038/hdy.1986.37](https://doi.org/10.1038/hdy.1986.37).
- Xavier, A., Jarquin, D., Howard, R., Ramasubramanian, V., Specht, J. E., Graef, G. L., Beavis, W. D., Diers, B. W., Song, Q., Cregan, P. B., Nelson, R., Mian, R., Shannon, J. G., McHale, L., Wang, D., Schapaugh, W., Lorenz, A. J., Xu, S., Muir, W. M., & Rainey, K. M. (2018). Genome-wide analysis of grain yield stability and environmental interactions in a multiparental soybean population. *G3 Genes, Genomes, Genetics*, 8(2), 519-529. doi: [10.1534/g3.117.300300](https://doi.org/10.1534/g3.117.300300).
- Yan, W. (2001). GGEbiplot—A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93(5), 1111-1118. doi: [10.2134/agronj2001.9351111x](https://doi.org/10.2134/agronj2001.9351111x).
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., & Szlavniks, Z. (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, 40(3), 597-605. doi: [10.2135/cropsci2000.403597x](https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x).
- Yan, W., & Kang, M. S. (2003). GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. First Edition. CRC Press. 288 p. doi: [10.1201/9781420040371](https://doi.org/10.1201/9781420040371).
- Yan, W., & Tinker, N. A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(3), 623-645. doi: [10.4141/P05-169](https://doi.org/10.4141/P05-169).
- Yue, H., Olivoto, T., Bu, J., Li, J., Wei, J., Xie, J., Chen, S., Peng, H., Nardino, M., & Jiang, X. (2022). Multi-trait selection for mean performance and stability of maize hybrids in megaenvironments delineated using envirotyping techniques. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1030521. doi: [10.3389/fpls.2022.1030521](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1030521).
- Zali, H., Barati, A., & Pour-Aboughadareh, A. R. (2022). Screening of barley elite genotypes using different selection indices based on multi-traits. *Crop Production*, 15(4), 159-182. [In Persian]. doi: [10.22069/ejcp.2023.20071](https://doi.org/10.22069/ejcp.2023.20071).
- Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asgharii, A., & Hoseini, S. M. (2015). Appraising of drought tolerance relying on stability analysis indices in canola genotypes simultaneously, using selection index of ideal genotype (SIIG) technique: Introduction of new method. *Biological Forum – An International Journal*, 7(2), 703-711.
- Zhang, P. P., Song, H., Ke, X. W., Jin, X. J., Yin, L. H., Liu, Y., Qu, Y., Su, W., Feng, N. J., Zheng, D. F., & Feng, B. L. (2016). GGE biplot analysis of yield stability and test location representativeness in proso millet (*Panicum miliaceum* L.) genotypes. *Journal of Integrative Agriculture*, 15(6), 1218-1227. doi: [10.1016/S2095-3119\(15\)61157-1](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(15)61157-1).
- Zobel, R. W., Wright, M. J., & Gauch, H. G. (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal*, 80(3), 388-393. doi: [10.2134/agronj1988.00021962008000030002x](https://doi.org/10.2134/agronj1988.00021962008000030002x).
- Zuur, A. F., Ieno, E. N. & Smith, G. M. (2007). Analysing Ecological Data. Springer. New York. NY.