مقاله پژوهشی

شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل تعدیل یافته ASIIG، راهکاری برای تجمیع اثرات سازگاری و عملکرد در زیتون(*Olea europaea*)

امیرعباس تقی‌زاده[۱]، رقیه امینیان‌دهکردی[۲]*، علی‌اصغر زینانلو[۳] و محمدمهدی ضرابی[۴]

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۳/۲۹- تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۶/۱۵)

چکیده

یکی از چالش‌های اساسی در تبیین سازگاری ارقام با محیط‌های مختلف کشت، وجود اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط است. در این پژوهش و جهت رسیدن به راهکاری منطقی برای ادغام اثرات تولید و پایداری، از داده‌های عملکرد هشت رقم مطرح زیتون، که طی سال‌های ۱۳۹۲ تا ۹۶ در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی (RCBD) با سه تکرار در ایستگاه تحقیقاتی زیتون طارم کاشته شده‌اند، استفاده شده است. پس از تعدیل داده‌های عملکرد ارقام در طی سال‌های آزمایشی و تایید وجود اثر متقابل ژنوتیپ در محیط با استفاده از تجزیه مرکب، از بیست پارامتر مختلف پایداری، برای سنجش پایداری ارقام استفاده گردید. سپس با ارائه‌ی راهکار شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل تعدیل یافته یا ASIIG جهت تجمیع اثرات مختلف سازگاری و عملکرد استفاده شد. بالاترین مقدار میانگین تولید در این آزمایش در رقم کنسروالیا با ۴۰/۷۴ کیلوگرم در درخت و کمترین مقدار تولید در رقم شنگه با تولید ۸/۵۹ کیلوگرم در هر درخت مشاهده شد. روش واریانس پایداری رومر (Sd^2) رقم بسیار کم محصول روغنی را به عنوان رقم پایدار در این آزمایش معرفی کرد. مقدار اکووالانس ریک (Wi) برای رقم کرونیکی کمترین مقدار و برای رقم کنسروالیا بیشترین مقدار بود. روش ASIIG ارقام شرکت کننده در آزمایش را به چهار گروه، کاملاً پایدار، پایدار، ناپایدار و کاملاً ناپایدار تقسیم‌بندی کرد. گراف روش ASIIG توانست با کیفیتی بالا، ارقام شرکت‌کننده در این آزمایش را بر اساس مطلوبیت گروه‌بندی نماید. در این روش رقم کرونیکی با ۷۶ درصد شباهت به ژنوتیپ ایده‌آل، مطلوب‌ترین رقم شناخته شد و رقم شنگه با ۲۲ درصد شباهت به ژنوتیپ ایده‌آل بدترین ژنوتیپ شرکت کننده در آزمایش بر اساس معیارهای پایداری و عملکرد بود. با توجه به عملکرد بالا و پایداری نسبی در دو رقم کرونیکی و کنسروالیا، این ارقام بهترین ارقام در ایستگاه تحقیقاتی طارم شناخته شدند.

کلمات کلیدی: اقلیم طارم، پارامترهای پایداری، درختان میوه، روش‌های ناپارامتری، عملکرد

۱- دانشجوی دکتری اصلاح نباتات، گروه ژنتیک و بهنژادی‌گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره)، قزوین

۲- استادیار گروه ژنتیک و بهنژادی‌گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره)، قزوین

۳- دانشیار پژوهشی، پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری، موسسه تحقیقات علوم باغبانی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

۴- استادیارگروه باغبانی، دانشکده‌ی کشاورزی، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی(ره)، قزوین

* پست الکترونیک: aminian@eng.ikiu.ac.ir

مقدمه

واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها در مقابل عوامل متغیر محیطی را اثر متقابل ژنوتیپ × محیط می‌دانند. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط همواره یکی از موضوعات مهم مورد توجه اصلاح کنندگان نبات بوده است. شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در برنامه‌های اصلاحی همواره به دلیل تغییرات محیطی در مناطق هدف و اثر متقابل این تغییرات با ژنوتیپ‌های مورد بررسی مشکل می‌باشد. بنابراین مواد ژنتیکی پیشرفته در برنامه‌های اصلاحی به منظور اطمینان از تولید محصول و پایداری عملکرد بایستی در محیط‌های با شرایط آب و هوایی مختلف و در سال‌های متفاوت ارزیابی شوند (یان و راجی‌کان[1]، ۲۰۰۲).

اثر متقابل باعث کاهش همبستگی بین ژنوتیپ و فنوتیپ می‌شود و در نتیجه کارایی انتخاب کاهش می‌یابد (براندی‌ای و مِوتی[2]، ۱۹۹۴). آگاهی از ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به به‌نژادگران کمک می‌کند تا بتوانند ژنوتیپ‌ها را با دقت بیشتری ارزیابی کرده و ژنوتیپ‌های برتر از نظر پایداری و عملکرد بالا را انتخاب نمایند (رُی[3]، ۲۰۰۰).

روش‌های متعددی به منظور تحلیل اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و برآورد ارقام پایدار، پیشنهاد شده است که هر کدام از آن‌ها تحت شرایط خاصی قابل استفاده می‌باشند، اما روشی که بتواند اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را به طور کامل برآورد نماید و از طرف دیگر مورد توافق همه محققان باشد، هنوز ابداع نشده است (بکر و لئون[4]، ۱۹۸۸).

روش‌های آماری برای بررسی برهمکنش ژنوتیپ و محیط به دو گروه پارامتری و ناپارامتری تقسیم می‌شوند. روش‌های آماری پارامتری خود به دو گروه تک متغیره و چند متغیره تقسیم می‌شوند. همچنین، روش‌های تک متغیره شامل روش‌های مبتنی بر تجزیه واریانس و روش‌های مبتنی بر رگرسیون هستند. هر کدام از این روش‌ها ابعاد و جنبه‌های خاصی از داده‌های بدست آمده از آزمایش‌های مختلف را مورد ارزیابی قرار می‌دهند. از بین روش‌های مختلف، روش‌های رگرسیونی که از روش‌های تک متغیره پارامتری می‌باشند، اهمیت بسیار زیادی داشته و همواره توسط محققان مورد استفاده قرار گرفته‌اند.

روش‌های تک متغیره که در تجزیه پایداری به‌کار می‌روند، از نظر کارایی تشخیص ارقام پایدار توسط محققین مختلف مورد مقایسه و مطالعه قرار گرفته‌اند. در این راستا، محققین به برخی از روش‌ها ایرادتی وارد و برخی دیگر را مورد تأیید قرار داده‌اند. ولی در بین روش‌های تک متغیره، روش کاملاً قابل قبول و قطعی وجود ندارد. بنابراین، محققین از چندین روش تجزیه پایداری به‌طور همزمان استفاده می‌کنند (ابرهارت و راسل[5]، ۱۹۶۶).

روش‌های ناپارامتری متعددی نیز به‌منظور تعیین پایداری ارقام پیشنهاد شده است، که در اکثر آن‌ها ارقام در محیط‌های مختلف رتبه‌بندی شده و ژنوتیپی پایدار محسوب می‌شود که در کلیه محیط‌ها رتبه مشابهی داشته باشد. آماره‌های میانگین تفاوت قدرمطلق و واریانس یا انحراف استاندارد جزء آماره‌های ناپارامتری هستند که توسط نصار و هان[6] (۱۹۸۷) برای برآورد اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و پایداری فنوتیپی (پایداری ژنوتیپ‌ها در همه محیط‌ها) به‌کار برده شده است. یکی دیگر از روش‌های ناپارامتری، روش ناپارامتری رتبه است. در این روش، ژنوتیپ‌ها در کلیه محیط‌ها بر اساس عملکرد دانه رتبه‌بندی می‌شوند. سپس برای هر رقم میانگین رتبه و انحراف معیار رتبه‌ها محاسبه می‌شود. تنارازو[7] (۱۹۹۵) روش ناپارامتری را بر مبنای رتبه‌های تصحیح شده پیشنهاد کرد.

سوقی[8] و همکاران (۲۰۱۶) در ارزیابی پایداری ارقام گندم بیان نمودند که روش‌های تنارازو (۱۹۹۵) و نصار و هان (۱۹۸۷) اغلب بیانگر جنبه بیولوژیک پایداری است و قادر به شناسایی ژنوتیپ‌های گندم با عملکرد بالا و پایدار نیست. آن‌ها روش ناپارامتری انتخاب همزمان را برای عملکرد و پایداری روش مناسبی برای انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول گندم معرفی کردند. کاربرد این آماره‌ها در انتخاب ارقام مناسب گندم دوروم (جهرمی[9] و همکاران ۲۰۱۱؛ محمدی[10] و همکاران، ۲۰۰۷) و گندم نان (زارعی و همکاران، ۱۳۹۱) نیز گزارش شده است.

برای انتخاب ارقام پرمحصول با عملکرد پایدار، استفاده از

1. Yan and Rajcan
2. Brandiej and Meverty
3. Roy
4. Becker and Leon
5. Eberhart and Russell
6. Nassar and Huehn
7. Thennarasu
8. Soughi
9. Jahromi
10. Mohammadi

یک روش به تنهایی ممکن است منجر به نتایج مطلوبی نشود، ولی ارزیابی ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش‌های مختلف تجزیه پایداری، احتمال شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب را افزایش می‌دهد. بر همین اساس، از روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل (SIIG) به منظور ادغام روش‌های مختلف تجزیه پایداری، برای ارزیابی بهتر ژنوتیپ‌ها استفاده شد (زالی[1] و همکاران، ۲۰۱۵). این روش در حالی که تمام آماره‌های پایداری را بر اساس فاصله اقلیدسی از ارقام مطلوب و ضدمطلوب می‌سنجد، اما با یک اشکال اساسی روبروست، در این روش وزن مناسب و برابر، برای دو جزء اساسی و بنیادی یک رقم مطلوب یعنی ثبات در عملکرد و مقدار عملکرد در نظر گرفته نمی‌شود و تمامی پارامترها از وزنی یکسان برخوردار هستند.

هدف از این تحقیق ارائه روشی برای ادغام منطقی تمام پارامترهای پایداری و تصمیم‌گیری همزمان بر اساس پارامترها و توزین مناسب آن‌ها با عملکرد است. در این مقاله سعی شده است با استفاده از داده‌های زیتون در چند سال روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل به صورت تصحیح شده تبیین گردد و بر آن مبنا در میان مواد ژنتیکی استفاده شده در آزمایش، انتخاب صورت گیرد. علاوه بر آن، روش گرافیکی بر اساس روش ASIIG ارائه گردد تا به شکلی بصری اثرات سازگاری و عملکرد نشان داده شده و گروه‌بندی ارقام بر اساس فواصل اقلیدسی انجام گیرد، بدیهی است ارائه و ویژگی‌های روش مورد نظر از اهداف اصلی این پژوهش است و سعی شده سایر محاسبات تنها در خدمت بیان این روش بکار رود.

مواد و روش‌ها

انتخاب رقم مناسب برای توسعه کشت زیتون برای تولید روغن و کنسرو در اولویت برنامه‌های تحقیقاتی زیتون می‌باشد. بدین منظور و برای انجام این آزمایش از ۸ رقم مطرح شنگه، تخم‌کبکی، زرد، روغنی، کرونیکی، کنسروالیا، آربکین و مانزانیا به‌عنوان مواد ژنتیکی شرکت کننده استفاده و در ایستگاه تحقیقاتی زیتون طارم کشت گردیدند. این ارقام در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی(RCBD) با سه تکرار، مورد ارزیابی قرار گرفتند. مطالعات و جمع‌آوری داده‌ها از سال ششم کشت درختان در سال ۱۳۹۲ آغاز و تا پنج سال پس از آن ادامه داشت. عملکرد ۸ رقم مورد نظر بر اساس نوع بهره‌برداری (کنسروی یا روغنی) در شهریور و آبان ماه با برداشت محصول از سه درخت هر تکرار برای هر رقم و ژنوتیپ انجام و مقدار عملکرد به ازای کیلوگرم در هر درخت جمع‌آوری گردید و سپس برای تجزیه آماری از سه درخت هر تکرار میانگین گرفته شد.

محل انجام پروژه در شهرستان طارم علیا و بخش گیلوان از توابع استان زنجان، قرار گرفته است که علی‌رغم نزدیکی به دریای خزر از رطوبت و بارندگی‌های شمالی کمتر بهره‌مند است و دارای اقلیم نیمه‌خشک شدید با تابستان‌های بسیار گرم و زمستان‌های ملایم است.

مشخصات اقلیمی گیلوان شامل عرض جغرافیایی ′۷۹ و °۳۶؛ طول جغـرافیایی ′۲۶ و °۴۹؛ ارتفاع از سطح دریا ۳۶۰ متر؛ متوسط دمای سالیـانه °۱۷/۴ سانتی‌گـراد؛ حداقل دمای مطلق °۱۰- سانتی‌گراد؛ حداکثر دمای مطلق °۴۳ سانتی‌گراد؛ متوسط بارندگی سالیانه ۲۵۰ میلی‌متر، می‌باشد.

بررسی دمای ایستگاه تحقیقات زیتون طارم در سال ۲۰۱۴ با استفاده از سیستم دیتا لاگر نشان می‌دهد ۱۱۴ ساعت دمای بالای ۳۸ درجه وجود دارد و حداکثر مطلق آن ۴۶ درجه است. بیشتر ساعت گرم مربوط به مردادماه در ساعات ۱۴-۱۲ می‌باشد (زینانلو[2] و همکاران، ۲۰۰۹).

جهت تجمیع اثرات سازگاری و عملکرد و موازنه مناسب بین این دو فاکتور، روش شاخص انتخاب ژنوتیپ ایده‌آل تعدیل یافته، پیشنهاد شد، این روش که بر مبنای روش‌های

جدول ۱- جدول پارامترهای محیطی برای هر محیط آزمایشی

سال آزمایش / پارامتر محیطی	۱۳۹۲	۱۳۹۳	۱۳۹۴	۱۳۹۵	۱۳۹۶
میانگین دمای سالیانه	۱۸/۳۳	۱۸/۳۷	۱۸/۵۴	۱۸/۴	۱۸/۳۱
میانگین بارش سالیانه	۲۰/۱۴	۱۹/۱۳	۱۸/۹۷	۲۶/۵۷	۱۹/۱۲

1. Zali

2. Zeinanloo

جدول ۲- شاخص‌های مختلف برآورد سازگاری

پارامتر	فرمول	منبع	اجزای فرمول
واریانس پایداری رومر	$S_i^2=(\frac{1}{q-1})\times(\sum_i(\bar{y}_{ij}-\bar{y}_{i.})^2)$	رومر(۱۹۱۷)	$\bar{y}_{ij}$: میانگین هر ژنوتیپ در محیط؛ $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپ‌های یک محیط؛ S_i^2: واریانس محیطی و $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپ برای تمام محیط‌های (سال‌های) آزمایش؛ q: تعداد محیط‌های آزمایشی (سال‌ها)
ضریب تغییرات	$CV_i=(\frac{\sqrt{S_i^2}}{\bar{y}_{i.}})\times 100$	فرانسیس وکننبرگ (۱۹۸۷)	
ضریب رگرسیون	$bi=\frac{\sum_j(\bar{y}_{ij}-\bar{y}_{i.})(\bar{y}_{.j}-\bar{y})}{\sum_j(\bar{y}_{.j}-\bar{y})}$	ابرهارت و راسل(۱۹۶۶)	$\bar{y}_{ij}$: میانگین ژنوتیپ‌ها؛ $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپی؛ $\bar{y}_{.j}$: میانگین محیطی؛ $\bar{y}$: میانگین کل؛
مربعات انحراف از رگرسیون	$S^2d_i=\frac{1}{q-2}\left[\sum_j(\bar{y}_{ij}-\bar{y}_{i.})^2-b2\sum_j(\bar{y}_{.j}-\bar{y}_{..})^2\right]$	ابرهارت و راسل(۱۹۶۶)	$\bar{y}_{ij}$: میانگین ژنوتیپ‌ها؛ $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپی؛ $\bar{y}_{.j}$: میانگین محیطی؛ $\bar{y}$: میانگین کل؛ q: تعداد محیط b: ضریب رگرسیون
ضریب تشخیص	$R_i^2=\frac{b_i^2\sum_j(\bar{y}_{.j}-\bar{y})^2}{\sum_j(y_{ij}-\bar{y}_{i.})^2}$	پینتوس (۱۹۷۳)	b_i^2 : شیب خط رگرسیونی؛ $\bar{y}_{ij}$: میانگین ژنوتیپ‌ها؛ $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپی؛ $\bar{y}_{.j}$: میانگین محیطی؛ $\bar{y}$: میانگین کل
واریانس پایداری شوکلا	$ri^2=\left[\frac{P}{(P-2)(q-1)}\right]W_i^2-\frac{\sum_i\sum_j(Y_{ij}-\bar{Y}_{i.}-\bar{Y}_{.j}+\bar{Y}_{..})^2}{(P-1)(P-2)(q-1)}$	شوکلا (۱۹۷۳)	$\bar{y}_{ij}$: میانگین هریک از مشاهدات؛ $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپی؛ $\bar{y}_{.j}$: میانگین محیطی؛ $y_{..}$: میانگین کل داده‌ها؛ p: تعداد ژنوتیپ و q: تعداد محیط
ضریب رگرسیون پرکینز و جینکز	$B_i=\frac{\sum_j(Y_{ij}-\bar{Y}_{i.}-\bar{Y}_{.j}+\bar{Y}_{..})(\bar{Y}_{.j}-\bar{Y}_{..})}{\sum_j(\bar{Y}_{.j}-\bar{Y}_{..})}$	پرکینز و جینکز (۱۹۶۸)	$\bar{y}_{ij}$:میانگین ژنوتیپ‌ها؛ $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپی؛ $\bar{y}_{.j}$: میانگین محیطی؛ $\bar{y}$: میانگین کل؛
انحراف از رگرسیون پرکینز و جینکز	$D_{ij}=\frac{\sum_{i,j}Y_{ij}-sY_i^2+b_i\sum_i\hat{e}_j^2}{s-2}$	پرکینز و جینکز (۱۹۶۸)	$\bar{y}_{ij}$: میانگین ژنوتیپ‌ها؛ $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپی؛ $\bar{y}$: میانگین کل؛ b: ضریب رگرسیون؛ s: تعداد محیط
اکووالانس ریک	$W_i^2=(\bar{y}_{ij}-\bar{y}_{i.}-\bar{y}_{.j}+y_{..})^2$	ریک(۱۹۶۲)	$\bar{y}_{ij}$: : میانگین هریک از مشاهدات؛ $\bar{y}_{i.}$: میانگین ژنوتیپی؛ $\bar{y}_{.j}$: میانگین محیطی؛ $y_{..}$: میانگین کل داده‌ها
شاخص برتری لین و بینز	$Pi=\frac{\sum_j(Y_{ij}-M_j)^2}{2s}$	لین و بینز (۱۹۸۸)	M_j: بالاترین میانگین ژنوتیپ در هر محیط؛ s : تعداد محیط
آماره‌های ناپارامتری نصار و هان	$S_i^{(1)}=\frac{2}{m(m-1)}\sum_{j=1}^{m-1}\sum_{j=j+1}^{m}\left\|r^*_{ij}-r^*_{ij}\right\|$ $S_i^{(2)}=\frac{1}{(m-1)}\sum_{j=1}^{m}(r^*_{ij}-\bar{r}^*_{ij})^2$ $S_i^{(3)}=(\sum_{j=1}^{m}\left\|r_{ij}-\bar{r}_i\right\|)/\bar{r}_{i.}$ $S_i^{(6)}=(\sum_{j=1}^{m}(r_{ij}-\bar{r}_i)^2)/\bar{r}_{i.}$	نصار و هان (۱۹۸۷)	r_{ij}: رتبه هر ژنوتیپ در محیط؛ $\bar{r}_{.j}$: میانگین ژنوتیپی رتبه‌ها؛ m: تعداد ژنوتیپ و l: تعداد محیط‌های آزمایشی

آماره‌های ناپارامتری تنارازو	$NP_i^{(1)} = \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{n}\left\|r_{ij}^* - M_{di}^*\right\|$ $NP_i^{(2)} = \frac{1}{n}\left[\sum_{j=1}^{n}\left\|r_{ij}^* - M_{di}^*\right\| / M_{di}\right]$ $NP_i^{(3)} = \frac{1}{\bar{r}_i^*}\left[\sqrt{\sum (r_{ij}^* - \bar{r}_i^*)/n}\right]$ $NP_i^{(4)} = \frac{2}{n(n-1)}\left[\sum_{j=1}^{n-1}\sum_{[j-j=1]}^{n}\left\|r_{ij}^* - r_{ij}^*\right\| / \bar{r}_{ij}\right]$	تنارازو (۱۹۹۵) r_{ij}^*: رتبه عملکرد تصحیح شده؛ M_{ij} و $\bar{r}_{i.}$: میانه و میانگین رتبه‌های تصحیح نشده ژنوتیپ iام؛ M_{ij}^* و $\bar{r}_{i.}^*$: میانه و میانگین رتبه‌های تصحیح شده ژنوتیپ iام

TOPSIS (هوانگ و یون[1]، ۱۹۸۱) و SIIG (زالی و همکاران، ۲۰۱۵) بنا نهاده شده است به شرح زیر اجرا می‌گردد:

۱- تشکیل ماتریس داده‌های مشتمل بر آماره‌های پایداری به همراه میانگین عملکرد؛

$$D = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \dots & x_{1m} \\ x_{21} & x_{22} & \dots & x_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & \dots & x_{nm} \end{bmatrix}$$

در این ماتریس m: معرف هر شاخص برآورد پایداری و n: ژنوتیپ است.

۲- نرمال‌سازی ماتریس داده‌ها برای حذف اثر مقیاس و تشکیل ماتریس R؛

$$r_{ij} = \frac{x_{ij}}{\sqrt{\sum_{i=1}^{n} x_{ij}^2}} \quad R = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & \dots & r_{1m} \\ r_{21} & r_{22} & \dots & r_{2m} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{n1} & r_{n2} & \dots & r_{nm} \end{bmatrix}$$

در این ماتریس m: معرف هر شاخص برآورد پایداری و n: ژنوتیپ‌ها پس از نرمال‌سازی و بی‌مقیاس کردن آنهاست.

۳- تعیین مطلوب و ضدمطلوب برای هر معیار: در این مرحله باید نوع معیارها مشخص شود، معیارها یا جنبه مثبت دارند یا منفی. معیارهای مثبت معیارهایی هستند که افزایش آن‌ها نشان دهنده سازگاری یک ژنوتیپ است، این معیار از نوع مثبت است و حد مطلوب آن برابر با بزرگترین درایه ستون معیار و ضدمطلوب برابر با کوچکترین درایه و برای معیارهای منفی بالعکس است.

برای معیارهایی که بار مثبت دارند مطلوب مثبت بزرگترین مقدار آن معیار است، برای معیارهایی که بار مثبت دارند مطلوب منفی کوچکترین مقدار آن معیار است، برای معیارهایی که بار منفی دارند مطلوب مثبت کوچکترین مقدار آن معیار است، برای معیارهایی که بار منفی دارند مطلوب منفی بزرگترین مقدار آن معیار است.

۴- موزون کردن اثرات پایداری و عملکرد، با دادن ضریب یک به هر معیار که تنها پایداری مانند واریانس محیطی را در نظر می‌گیرد، دادن ضریب ۰/۵ به هر پارامتر، که توأمان پایداری و عملکرد مانند شاخص برتری را مد نظر می‌گیرد و نهایتاً تخصیص مجموع سایر ضرایب به شاخص میانگین عملکرد.

۵- برآورد فاصله از مطلوب و ضدمطلوب؛

$$d_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^{m}(r_{ij} - r_j^+)^2}$$

$$d_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^{m}(r_{ij} - r_j^-)^2}$$

d_i^+: فاصله از مطلوب؛ d_i^-: فاصله از ضدمطلوب؛ r_{ij}: درایه‌های ماترس نرمال‌سازی شده.

۶- محاسبه آماره ASIIG[2]، هرچه مقدار این آماره به واحد نزدیک‌تر باشد، شباهت به ایده‌آل بیشتر و در نتیجه ژنوتیپ مشمول به صورت همزمان بالاترین عملکرد و پایداری را به‌صورت متوازن دارد.

$$ASIIG = \frac{d_i^-}{d_i^+ + d_i^-} \quad i = 1, 2, \dots, m \qquad 0 \le ASIIG \le 1$$

بر اساس این روش، بهترین ژنوتیپ، نزدیک‌ترین ژنوتیپ به ژنوتیپ‌های ایده‌آل و دورترین از ژنوتیپ‌های ضعیف است. در اینجا منظور از ژنوتیپ ایده‌آل، ژنوتیپی فرضی است که بیشترین پایداری و عملکرد را به صورت توأمان داشته باشد. ژنوتیپ ضعیف، ژنوتیپی فرضی است که کم‌ترین پایداری عملکرد داشته باشد.

به طور خلاصه ژنوتیپ ایده‌آل از مجموع مقادیر ایده‌آل هر یک از آماره‌های موازنه شده پایداری و عملکرد به دست می‌آید، درحالی‌که ژنوتیپ ضعیف از مجموع مقادیر ضعیف هر یک از آماره‌های پایداری حاصل می‌شود. به عنوان مثال در مورد عملکرد، حداکثر عملکرد یک ژنوتیپ، مقدار ایده‌آل و عملکرد پایین، به عنوان مقدار ضعیف در نظر گرفته می‌شود. در مورد واریانس محیطی نیز، مقدار ایده‌آل برابر کمترین مقدار واریانس محیطی برای ژنوتیپ‌ها و مقدار

1. Hwang and Yoon

ضعیف برابر با حداکثر مقدار واریانس محیطی برای ژنوتیپ‌ها می‌باشد. برای تخمین آمارهای پایداری ناپارامتری، از ماکروی نوشته شده در نرم‌افزار SAS توسط اکبرپور[1] و همکاران (۲۰۱۶) شد و همچنین برای محاسبات پارامترهای تک متغیره آماری و آماره ASIIG از نرم‌افزار R agricolae package 3.4.4 و Excel 2016 استفاده گردید.

نتایج و بحث

قبل از انجام تجزیه مرکب، همگنی واریانس محیط‌های آزمایشی با استفاده از آماره Fmax تأیید گردید. در تجزیه واریانس مرکب انجام شده، مشخص شد که اثرات سال و ژنوتیپ و همچنین اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سطح یک درصد معنی‌دار هستند (جدول ۳).

در مجموع پنج ساله مطالعات، بالاترین مقدار میانگین عملکرد، مربوط به رقم کنسروالیا با ۴۰/۷۴ کیلوگرم تولید به ازای هر درخت می‌باشد، پس از آن ارقام کرونیکی و آربکین در جایگاه بعدی قرار گرفته‌اند. کمترین مقدار عملکرد مربوط به رقم شنگه با ۸/۵۹ کیلوگرم تولید در هر درخت است، همچنین مشخص گردید، ارقام روغنی و آربکین نیز از تولید بالای برخوردار نیستند (شکل ۱).

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب برای صفات هشت رقم زیتون طی پنج سال

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات	درصد توجیه
سال	۴	۱۶۷۵/۸۰**	۲۱/۳۵
بلوک/سال	۱۰	۳۶/۳۹	۱/۱۶
ژنوتیپ	۷	۱۷۹۵/۶۰**	۴۰/۰۳
ژنوتیپ در محیط	۲۸	۲۶۸/۶۱**	۲۳/۹۵
خطا	۷۰	۶۰/۶۱	۱۳/۵۱

n.s: غیر معنی‌دار؛ *: معنی دار درسطح پنج درصد؛**: معنی‌دار درسطح یک درصد

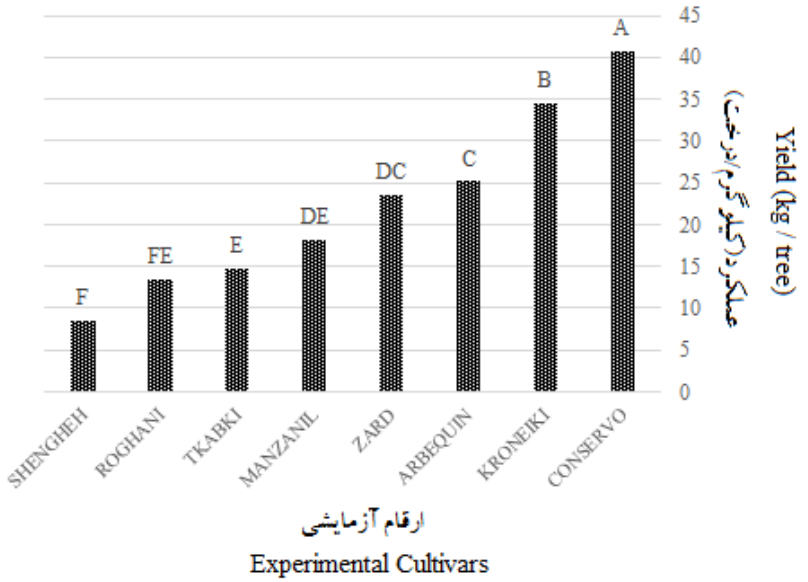
واریانس محیطی رومر (Sd^2) رقم روغنی را به عنوان پایدارترین رقم معرفی نمود و نیز با توجه به این پارامتر ناپایدارترین رقم، رقم پرمحصول کنسروالیا تعیین گردید. با توجه به پارامتر ضریب تغییرات (CV%) همین نتایج تأیید شد. مقدار شیب خط رگرسیون (bi) برای رقم روغنی از سایر ارقام شرکت کننده در آزمایش کمتر برآورد گردید. مقدار اکووالانس ریک (Wi) برای رقم کرونیکی کمترین مقدار و برای رقم کنسروالیا بیشترین مقدار تخمین زده شد (جدول ۴). در بررسی پایداری ۱۴ رقم بومی گندم در اتیوپی نیز از روش‌های واریانس محیطی و ضریب تغییرات استفاده شد. در این مطالعه مشخص گردید که هیچ یک از پارامترهای پایداری ذکر شده فاقد هر نوع همبستگی با میانگین عملکرد است (تسما، ۱۹۹۸).

یکی از روش‌های مهم و مهجور در برآورد پایداری استفاده از رتبه‌های مواد ژنتیکی شرکت کننده در آزمایش است. با استفاده از این روش و تعیین رتبه‌ها، آماره‌های ناپارامتری برآورد سازگاری محاسبه می‌شوند. برای این پژوهش از چهار آماره پایداری نصار و هان شامل Si^2 ,Si^1 ,Si^6 و Si^3 و چهار آماره تنارازو شامل NP^1, NP^2 , NP^3 و NP^4 و همچنین میانگین رتبه‌های کانگ (RS) استفاده شده است.

در تحقیقی که روی گندم دروم انجام شد، نتایج نشان دادند که آماره‌های تنارازو جزء مفهوم پایداری ایستایی هستند و ژنوتیپ‌های پایداری معرفی شده بر اساس این روش‌ها ممکن است از عملکرد بالایی برخوردار نباشند (نجفی-میرک[2] و همکاران، ۲۰۱۸) نتایج مشابهی در گندم دروم (محمدی و امیری[3]، ۲۰۰۸)، گلرنگ (عبداللهی[4] و همکاران، ۲۰۰۷)، عدس (صباغنیا[5]، ۲۰۰۶) و گندم (کایا و تانر[6]، ۲۰۰۳) نان گزارش شده است.

با توجه به آماره‌های نصار و هان (۱۹۸۷)، ژنوتیپی حائز پایدارترین رقم است که از کمترین مقدار آماره برخوردار باشد. با توجه به این تعریف، رقم کم محصول شنگه پایدارترین رقم در میان ارقام شرکت کننده در آزمایش

1. Akbarpour
2. Najafi Mirak
3. Mohammadi and Amri
4. Abdulahi
5. Sabaghnia
6. Kaya and Taner



شکل ۱– مقایسه میانگین عملکرد هشت رقم زیتون آزمایشی در پنج سال

جدول ۴- آماره‌های پایداری تک متغیره برای هشت ژنوتیپ شرکت کننده در آزمایش

ژنوتیپ	Mean	Sd	CV (%)	bi	S^2di	R^2	ri^2	Bi	DJi	Wi	Pi
آربکین	۲۵/۱۷	۸/۱۵	۳۲/۳۹	۰/۸۵	۲۰/۶۶	۰/۷۷	۷/۷۴	-۰/۱۵	۲۰/۶۸	۶۷/۹۸	۳۳۳/۳۶
کنسروالیا	۴۰/۷۴	۲۷/۷۴	۶۸/۰۹	۳/۱۴	۱۰۷/۳۳	۰/۹	۵۱۹/۲۲	۲/۱۴	۱۰۷/۳۵	۱۶۰۲/۴۴	۲۸/۱۲
کرونیکی	۳۴/۴۵	۱۰/۹۹	۳۱/۸۹	۱/۲۹	۵/۷۳	۰/۹۶	-۱/۲۹	۰/۲۹	۵/۷۵	۴۰/۸۹	۱۳۷/۲۶
آربکین	۱۸/۲۲	۳/۴۷	۱۹/۰۵	۰/۳۸	۲/۳۶	۰/۸۵	۲۲/۸۶	-۰/۶۲	۲/۳۸	۱۱۳/۳۴	۵۳۸/۰۲
روغنی	۱۳/۴۳	۲/۸۵	۲۱/۲۵	۰/۰۹	۱۰/۱۵	۰/۰۶	۷۳/۱۱	-۰/۹۱	۱۰/۱۷	۲۶۴/۰۹	۷۳۱/۵۶
شنگه	۸/۵۹	۵/۳۶	۶۲/۴۴	۰/۶۲	۲/۷۷	۰/۹۳	۱/۴۶	-۰/۳۸	۲/۷۹	۴۹/۱۳	۸۱۵/۹۱
تخم کبکی	۱۴/۷۳	۶/۹۷	۴۷/۳۴	۰/۷۴	۱۴/۴۳	۰/۷۸	۶/۰۴	-۰/۲۶	۱۴/۴۵	۶۲/۹	۵۹۴/۱۶
زرد	۲۳/۵	۱۱/۴۶	۴۸/۷۵	۰/۸۹	۱۰۰/۹۶	۰/۴۲	۸۷/۱۵	-۰/۱۱	۱۰۰/۹۸	۳۰۶/۲۳	۴۰۷/۰۶

Mean: میانگین؛ Sd: واریانس محیط؛ CV: ضریب تغییرات؛ bi: ضریب رگرسیونS^2di: مربعات انحراف از رگرسیون؛
R^2: ضریب تشخیص؛ri^2: واریانس پایداری؛ Bi: پرکینز و جینکز (رگرسیون)؛ DJi: پرکینز و جینکز؛ Wi: اکووالانس ریک؛ Pi: شاخص برتری.

شناخته می‌شود و رقم کنسروالیا علی‌رغم تولید بالا از ناپایدارترین ارقام شرکت کننده در آزمایش تعیین گردید (جدول ۵).

روش‌های تنارازو (۱۹۹۵) نیز عموما ارقامی با عملکرد پایین را به عنوان مواد ژنتیکی با ثبات برگزیدند. این موضوع می‌تواند نشان‌دهنده عدم هماهنگی بین مقدار تولید و پایداری ارقام باشد (جمشیدی‌مقدم و پورداد[1]، ۲۰۱۳).

دو پارامتر ثبات در عملکرد و مقدار عملکرد از ویژگی‌های مهم یک رقم مطلوب است. زیرا در عمل رقمی با ثبات اما دارای عملکردی پایین، کاربردی نداشته و مقرون به صرفه نخواهد بود. از طرفی اکثر پارامترهای پایداری رویکردی ایستا به پایداری داشته و مقدار عملکر بالا را مد نظر قرار نمی‌دهند. از طرفی دیگر هر یک از پارامترهای پایداری به بُعد خاصی از مقوله پایداری می‌پردازند که لزوماً نتایج آن‌ها یکسان نیست. با استفاده از روش ASIIG علاوه بر تجمیع تمام اثرات پایداری بر مبانی دیدگاهشان، اثرات و وزن دو ویژگی مهم گفته شده برای یک ژنوتیپ مطلوب، یعنی ثبات و مقدار عملکرد لحاظ می‌گردد. با رتبه‌بندی ارقام شرکت کننده در این آزمایش بر اساس روش ASIIG، رقم کرونیکی که از نظر مقدار تولید در جایگاه دوم قرار داشت، در مجموع با شباهت ۸۰ درصدی به رقم ایده‌آل، مطلوب‌ترین رقم با

1. Jamshidimoghaddam and Pourdad

جدول ۵- آماره‌های پایداری ناپارامتری برای هشت ژنوتیپ شرکت کننده در آزمایش

ژنوتیپ	SI^1	Z^1	SI^2	Z^2	SI^3	SI^6	NP^1	NP^2	NP^3	NP^4	RS_Kang
آربکین	۲	۰/۷	۲/۸	۰/۸۶	۰/۸۸	۱	۱/۲	۰/۴	۰/۴۷	۰/۶۳	۱۰/۵
کنسروالیا	۴/۲	۴/۴۵	۱۴/۷	۱۲/۸۴	۴	۳	۲/۸	۲/۸	۱/۷۱	۲/۱	۳
کرونیکی	۲/۲	۰/۳۲	۳/۳	۰/۵۵	۰/۴۴	۰/۸۹	۱/۲	۰/۶	۰/۹	۱/۲۲	۳
آربکین	۳	۰/۲۵	۶	۰/۰۸	۱/۲۷	۰/۹۴	۱/۸	۰/۳۶	۰/۴۵	۰/۶۱	۱۱
روغنی	۳/۶	۱/۷	۸/۸	۱/۸۱	۱/۷	۰/۹۷	۲/۲	۰/۳۱	۰/۴	۰/۵۵	۱۰
شنگه	۱/۸	۱/۲۲	۲/۳	۱/۲۵	۰/۱۶	۰/۳۲	۱/۲	۰/۱۵	۰/۱۸	۰/۲۴	۱۲
تخم کبکی	۲/۸	۰/۰۶	۵/۳	۰	۱/۰۲	۰/۹۱	۱/۸	۰/۳۶	۰/۳۶	۰/۴۹	۱۳/۵
زرد	۳/۶	۱/۷	۸/۲	۱/۲۵	۴/۴۸	۲/۱	۲/۲	۰/۴۴	۰/۶۱	۰/۸۶	۹

ثبات و با عملکردی بالا تعیین گردید و پس از آن رقم کنسروالیا با بالاترین مقدار تولید با شباهت ۷۷ درصدی به رقم ایده‌آل در رتبه دوم قرار گرفت. رقم شنگه اگرچه از ثبات در عملکرد بالایی در آزمایش برخوردار بود اما به دلیل تولید بسیار اندک محصول، در رتبه آخر با توجه به ابعاد این روش قرار گرفت. در تحقیقی که توسط نجفی‌میرک و همکاران (۲۰۱۸) و با استفاده از روش SIIG انجام گرفت اکثر ژنوتیپ‌های انتخاب شده، دارای پایداری بالا و عملکردی متوسط بودند. به دلیل دخالت ندادن وزن مناسب در این روش برای دو عامل پایداری و روش‌های برآورد سازگاری، عملاً این روش همچنان با قدرت بیشتر برای پارمتراهای سازگاری برای تعیین ژنوتیپ مطلوب عمل می‌کند و نقش عملکرد جزئی است، این اتفاق به خصوص زمانی که پارامترهای سازگاری بیشتری در محاسبات وارد می‌شوند، مشهودتر خواهد بود. اما در روش ASIIG مقدار مطلوبیت ارقام بین دو عامل پایداری و عملکرد به صورت مساوی موازنه می‌گردد و افزایش تعداد پارامترهای محاسبه شده نیز تأثیری در برابری وزن‌ها نخواهد داشت. بنابراین ارزشی برابر برای هر دو جزء مهم یک ژنوتیپ مطلوب در نظر گرفته می‌شود.

با در نظر گرفتن دو جزء عملکرد و پایداری به طور همزمان و وزن یکسان برای انتخاب، در روش ASIIG و بررسی تفاوت رتبه‌ها نسبت به روش SIIG، مشخص می‌شود، رتبه ژنوتیپ‌ها در تمام حالات بین دو روش متفاوت است. بدون در نظر گرفتن وزن یکسان برای عملکرد و پایداری، ژنوتیپ کنسروالیا در روشSIIG در رتبه آخر واقع شده، حال آنکه با توجه به عملکرد بالای این ژنوتیپ و اعمال وزن یکسان برای عملکرد و پایداری در روش ASIIG این ژنوتیپ در رتبه دوم قرار گرفته است و لذا شانس انتخاب بسیار بیشتری خواهد داشت، برای ژنوتیپ کرونیکی نیز همین موارد صادق است (جدول ۶).

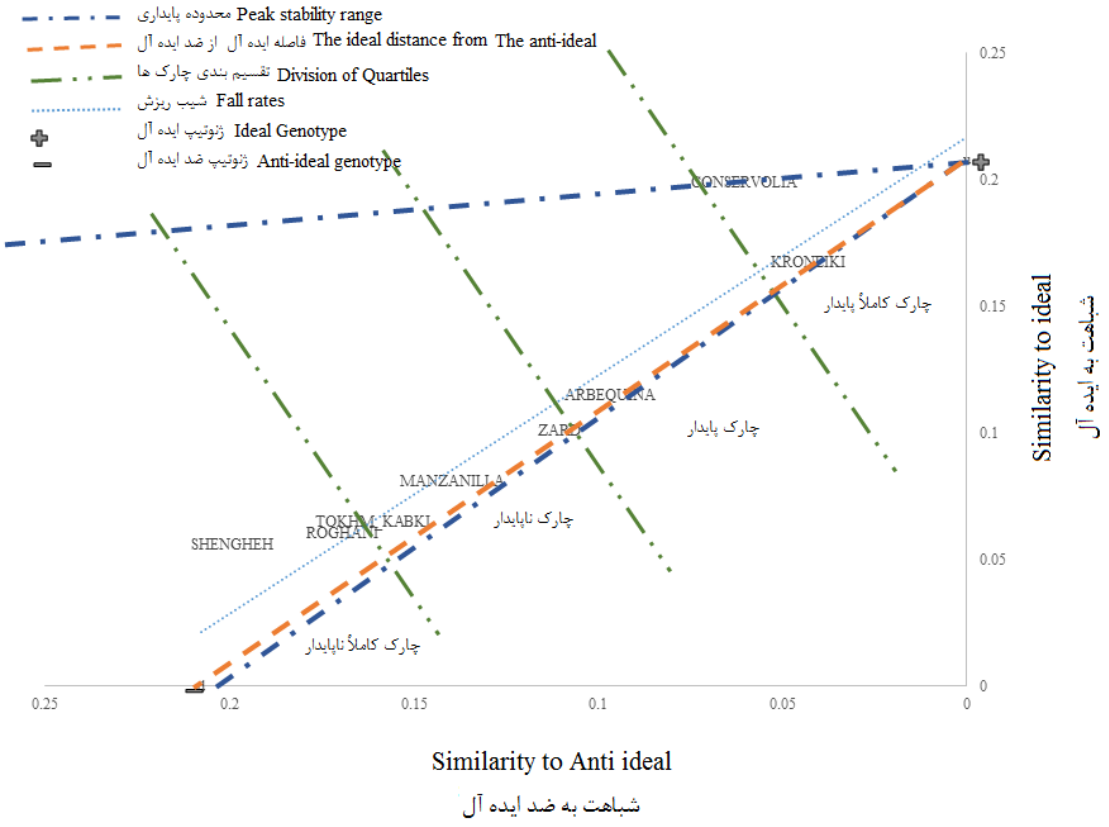
یکی از ویژگی‌های مهم روش ASIIG این است که با توجه به فواصل ارقام شرکت‌کننده از ایده‌آل و ضدایده‌آل می‌توان گرافی طرح‌ریزی کرد که با پراکنش داده‌ها بر این معیار می‌توان ژنوتیپ‌های شرکت کننده در آزمایش را گروه‌بندی نمود و مطلوب‌ترین ژنوتیپ‌ها و نامطلوب‌ترین آن‌ها را شناسایی کرد و مقدار نرخ ریزش ارقام از مطلوب به ضد مطلوب و در نتیجه، شدت تفاوت‌ها در بین ارقام را شناسایی کرد. بر این معیار ارقام کرونیکی و کنسروالیا با قرار گرفتن در چارک کاملاً پایدار، از حداکثر مطلوبیت برخوردارند و ارقام روغنی، شنگه و تخم‌کبکی که عموماً ارقامی کم محصول هستند به عنوان نامطلوب‌ترین ارقام از نظر تجمیع ثبات و عملکرد شناخته شدند. نرخ ریزش با ضریبِ رگرسیونِ ۰/۴۵ نشان داد که تفاوت نسبتاً بالایی از نظر انتخاب بین ارقام وجود دارد و نرخ ریزش ارقام از مطلوبیت به ضدمطلوبیت با سرعت بالایی اتفاق می‌افتد. با توجه به این موضوع انتخاب ارقام در نزدیکی قله پایداری می‌تواند تفاوت چشمگیری در مقرون به‌صرفه بودن کشت و کار این ارقام در محیط‌های تحت کشت داشته باشد.

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی، ارائه روشی همه جانبه‌نگر که بتواند علاوه بر تجمیع اثرات مهم مقدار و ثبات عملکرد، توزینی مناسب بین روش‌های مختلف برآورد سازگاری و عملکرد حاصل کند، اَمری حیاتی و اجتناب‌ناپذیر است. روش ASIIG با رویکردی منطقی و با کیفیت علاوه بر تجمیع اثرات در توزیع وزن‌های عوامل موثر کارساز است. روشASIIG علاوه بر رتبه‌بندی مواد ژنتیکی در آزمایش قدرت گروه‌بندی

جدول ۶- نمرات ASIIG و رتبه‌های ژنوتیپ‌های شرکت کننده در آزمایش

ژنوتیپ	فاصله از ایده آل	فاصله از ضد ایده آل	ASIIG	رتبه	SIIG	رتبه	تفاوت رتبه
آربکین	۰/۰۹۷۰۲	۰/۱۱۴۶۵	۰/۵۴۱۶۴۴	۳	۰/۷۸۳۷۷	۱	۲
کنسروالیا	۰/۰۶۰۳۸۱	۰/۱۹۸۶۹۴	۰/۷۶۶۹۳۸	۲	۰/۱۹۸۸۶	۸	-۶
کرونیکی	۰/۰۴۳۰۵۶	۰/۱۶۷۴۱۳	۰/۷۹۵۴۲۹	۱	۰/۷۱۹۲۶	۶	-۵
آربکین	۰/۱۳۹۶۲۲	۰/۰۸۰۷۰۲	۰/۳۶۶۲۸۶	۵	۰/۷۷۹۹۵	۲	۳
روغنی	۰/۱۶۹۳۲۲	۰/۰۶۰۵۷۲	۰/۲۶۳۴۷۸	۷	۰/۷۳۹۲۰	۴	۳
شنگه	۰/۱۹۹۱۳	۰/۰۵۵۶۹	۰/۲۱۸۵۴۶	۸	۰/۷۳۶۴۲	۵	۳
تخم کبکی	۰/۱۶۱۱۹۵	۰/۰۶۴۹۷۷	۰/۲۸۷۲۸۹	۶	۰/۷۵۷۷۸	۳	۳
زرد	۰/۱۱۰۴۵۱	۰/۱۰۰۷۹۹	۰/۴۷۷۱۵۵	۴	۰/۵۷۸۱۴	۷	-۳



نمودار ۱- پراکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس روش ASIIG

ارقام را نیز دارد. تعیین نرخ ریزش ارقام از مطلوبیت به ضدمطلوبیت کمک می‌کند تا ارزش، اهمیت و سودمندی دست زدن به انتخاب در میان ژنوتیپ‌ها تعیین گردد. در میان ژنوتیپ‌های آزمایشی این پژوهش مشخص گردید که ارقام کرونیکی و کنسروالیا اگرچه از نظر صفات پایداری چشمگیر نبودند اما با توجه به اینکه مقدار تولید در سایر ارقام نسبت به این دو رقم به شدت پایین است، ناگزیر، این ارقام مطلوب‌ترین شناخته شدند. ایجاد توازن بین مقدار عملکرد و ثبات در روش ASIIG راهکاری مهم در انتخاب است. با توجه به اهمیت و پیچیدگی پدیده سازگاری و شناسایی آن تحقیقاتی گسترده‌تر چه از بُعد زمان و مکان و چه مواد ژنتیکی را می‌طلبد. بنابراین اهتمام محققین به‌نژادگر در انتخاب روشی صحیح و منطقی در تعیین ژنوتیپ‌های مطلوب می‌تواند زارعین را به سمت انتخاب ارقام درست با توجه به محیط کشت ترغیب نماید.

منابع

Abdulahi, A., Mohammadi. R. and Pourdad, S.S. 2007. Evaluation of safflower (*Carthamus* spp.) genotypes in multi-environment trials by nonparametric methods. Asian Journal of Plant Sciences, 6(5): 827-832.

Akbarpour, O.A., Dehghani, H., Sorkhi-Lalelo, B. and Singh Kang, M. 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.

Becker, H.B. and Leon, J. 1988. Stability analysis in plant breeding. Plant Breeding, 101: 1-23.

Brandiej, E. and Meverty, B.E. 1994. Genotype×environmental interaction and stability of seed yield of oil rapeseed. Crop Science, 18: 344-353.

Eberhart, S.A. and Russell, W.A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Science, 6: 36-40.

Farshadfar E. 2000. Application of quantitative genetics in plant breeding. Razi University Press, Iran, 726 p.

Flores, F., Moreno, M.T. and Cubero, J.I. 1998. A comparison of univariate and multivariate methods to analyse G×E interaction. Field Crops Res, 56: 271-286.

Francis, T.R. and Kannenberg, L.W. 1978. Yield stability studies in short-season maize. 1. A descriptive method for grouping genotypes. Canadian Journal of Plant Science, 58: 1029-1034.

Hwang, C.L. and Yoon, K.P. 1981. Multiple attribute decision making methods and applications. Springer, New York, 350 p.

Jahromi, H.M.A., Khodarahmi, M., Mohammadi, A.R. and Mohammadi, A. 2011.Stability analysis for grain yield of promising durum wheat genotypes in southern warm and dry agro-climatic zone of Iran. Iranian Journal of Crop Sciences, 13(3): 565-579.

Jamshidimoghaddam, M. and Pourdad, S.S. 2013. Evaluation of seed yield adaptability of spring safflower genotypes using nonparametric parameters and GGE biplot method in rain-fed conditions. Seed and Plant Improvement Journal, 29(1): 45-63.

Kaya, Y. and Taner, S. 2003. Estimating genotypic ranks by nonparametric stability analysis in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal of Central European Agriculture, 4(1): 47-53.

Lin, C.S. and Binns, M.R .1988. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. Canad. Journal Plant Sciences, 68: 193-198.

Mohammadi, R. and Amri, A. 2008. Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. Euphytica, 159(3): 419-432.

Mohammadi, R., Abdulahi, A., Haghparast, R. and Armion, M. 2007. Interpreting genotype × environment interactions for durum wheat grain yields using nonparametric methods. Euphytica, 157(1): 239-251.

Mustatea, P., Saulesu, N., Ittue, G., Paunescu, G., Voinea, L., Stere, I., Mirlogeana, S., Constantiescu E. and Nastase, D. 2009. Grain yield and yield stability of winters wheat cultivars in contrasting weather conditions. Romanian Agricultural Research, 26: 1-8.

Najafi Mirak, T., Dastfal, M., Andarzian, B., Farzadi, H., Bahari, M. and Zali, H. 2018. Assessment of non-parametric methods in selection ofstable genotypes ofdurum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum). Iranian Journal of Crop Sciences, 20(2): 126-138.

Nassar, R. and Huehn, M. 1987. Studies on estimation of phenotypic stability: Tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. Biometrics, 43: 45-53.

Perkins, J.M. and Jinks, J.L. 1968. Environment and genotype-environmental components of variability. Heredity, 23: 339-356.

Pinthus, M.J. 1973. Estimate of genotypic value: A proposed method. Euphytica, 22: 121- 123.

Roemer, J. 1917. Sinde die ertagdreichen Sorten ertagissicherer? DLG-Mitteilungen, 32: 87-89.

Roy, D. 2000. Plant breeding analysis and exploitation of variation. Alpha Science International Ltd. U. K.

Sabaghnia, N., Dehghani, H. and Sabaghpour, S.H. 2006. Nonparametric methods for interpreting genotype × environment interaction of lentil genotypes. Crop Science, 46(3): 1100-1106.

Shukla, G.K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. Heredity, 29: 237-245.

Soughi, H.A., Babaeian Jelodar, N.A., Ranjbar, G.A. and Hadi Pahlevani, M. 2016. Simultaneous selection based on yield and yield stability in bread wheat genotypes. Journal of Crop Breeding, 8(18): 119-125.

Tesemma, T., Tsegay, S., Belay, G., Bechere, E. and Mitiku, D. 1998. Stability of performance of tetraploid wheat landraces in the Ethiopian Highland. Euphytica, 102(3): 301-308.

Thennarasu, K. 1995. On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. PhD. Thesis. P. J. School, IARI, New Delhi.

Wricks, G. 1962. Uber eien method zur erfassung der ecologischen streubreite in feldversuchen. Pflanzenzuchtung, 47: 92-96.

Yan, W. and Rajcan, I. 2002. Biplot analysis of test sites and trait Relations of soybean in Ontario. Crop Science, 42: 11–20.

Zali, H., Sofalian, O., Hasanloo, T., Asgharii, A. and 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. In Biological Forum, 7(2): 703-711.

Zarei, L., Farshadfar, E., Haghparast, R., Rajabi, R., Mohammadi Sarab Badieh, M. and Zali, H. 2012. Comparison of different methods of stability evaluation in bread wheat genotypes under drought stress conditions. Electronic Journal Crop Breed, 5 (3): 81-97.

Zeinanloo, A.A., Mirzaei, A.A., Nodoshan, H. and Arab, J. 2009. Investigation of the adaptability to olive (*Olea europaea* L.) growing regions of Iran according to chilling requirements. Olive, 111: 19-26.