ژنتیک نوین
دوره ششم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۰
صفحه ۴۸-۳۳

کاربرد روش‌های تجزیه خوشه‌ای و امی در تعیین پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم در مناطق دیم نیمه گرمسیر ایران

رحمت‌الله کریمی‌زاده*[۱]، محتشم محمدی[۲]، محسن شیخ‌ممو[۳]، وحید باوی[٤]، طهماسب حسین‌پور[٥]، حسن خانزاده[٦]، حسن قوجق[۷]، محمد آرمیون[۸]

۱،۲،۳و۴- به‌ترتیب مربی پژوهش، استادیار و کارشناسان ارشد مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، ایستگاه تحقیقات کشاورزی گچساران، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی کهگیلویه و بویراحمد

۵- مربی پژوهش مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی لرستان

۶- مربی پژوهش مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی مغان

۷- مربی پژوهش مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی گلستان

۸- مربی پژوهش مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی ایلام

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: Karimizadeh_ra@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۸۸/۹/۲۳ - تاریخ پذیرش: ۹۰/۳/۱)

چکیده

روش‌های مختلفی برای تعیین اثر متقابل ژنوتیپ × محیط وجود دارد که عبارتند از روش‌های پارامتری، ناپارامتری و چند متغیره. در این پژوهش تعداد ۱۹ ژنوتیپ پیشرفته گندم دوروم انتخابی از آزمایش‌های پیشرفته مقایسه عملکرد سال زراعی ۸٤-۱۳۸۳ به همراه رقم شاهد سیمره به مدت سه سال زراعی (۱۳۸٤ تا ۱۳۸۷) در مناطق گچساران، گنبد، کوهدشت، مغان و ایلام در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در چهار تکرار کشت شدند. در این تحقیق از چهار روش چندمتغیره تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر و روش امی (AMMI) برای تجزیه اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده شد. در روش‌های اول و سوم تجزیه‌خوشه‌ای ژنوتیپ شماره ۱٤ و در روش‌های دوم و چهارم ژنوتیپ شماره ۱۲ در یک گروه جداگانه قرار گرفتند و با عملکرد بالاتر از میانگین کل به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. در روش امی ژنوتیپ‌های شماره ۱٤، ۲ و ٤ با دارا بودن کمترین مقادیر IPC1 و همچنین میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها مشخص شدند. با توجه به نتایج بدست‌آمده ژنوتیپ‌های شماره ۱٤ و ۱۲ به‌ترتیب با میانگین عملکرد ۳۲۱۸ و ۲۹۷۰ کیلوگرم در هکتار به‌عنوان ژنوتیپ‌های امیدبخش معرفی انتخاب شدند. ژنوتیپ‌های ۲، ۹ و ۱۳ هم می‌توانند به‌عنوان والدین سازگار و برتر در طرح‌های تلاقی مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی

پایداری،
تجزیه‌خوشه‌ای،
روش امی،
روش پارامتری و ناپارامتری،
گندم دوروم

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

مقدمه

گندم دوروم (*Triticum turgidum*) دومین گونه زراعی مهم گندم است که تتراپلوئید بوده و دارای ۲۸ کروموزوم می‌باشد (۱۲) و در دنیا در سطحی معادل ۱۹ میلیون هکتار کشت می‌شود (۱۶). این گونه زراعی از غلات مهم منطقه مدیترانه است و تولید آن از دیرباز در تغذیه مردم این مناطق نقش مهمی داشته است (۱۶). امروزه وسعت اراضی زیر کشت گندم دوروم در مناطق غرب آسیا و شمال آفریقا بیش از ۸۵ درصد سطح زیر کشت کشورهای در حال توسعه می‌باشد (۲٦). کشورهای الجزایر، تونس، سوریه و ترکیه مهم‌ترین کشورهای تولیدکننده گندم دوروم می‌باشند (۱٦). در ایران نیز کشت گندم دوروم از زمان‌های قدیم رایج بوده و به علت سازگاری ارقام محلی دوروم به شرایط محیطی و آب و هوایی این مناطق در گذشته نه چندان دور، کشت دوروم، کشت غالب دیم‌زارهای مناطق جنوبی کشور به‌ویژه استان کهگیلویه و بویراحمد بوده است. توسعه صنایع غذایی و تبدیلی در کشور بویژه صنعت تولید ماکارونی به‌دلیل روند رو به افزایش جمعیت کشور و نیاز مبرم به افزایش مواد اولیه مورد لزوم این صنعت، ضرورت افزایش تولید گندم دوروم را در کشور آشکار می‌سازد. به ویژه این‌که تیپ‌های گندم دوروم به خشکی مقاوم‌تر بوده و دارای ژن‌های مقاومت به برخی بیماری‌های شایع از قبیل زنگ‌ها و سیاهک‌ها و نیز دارای استعداد ژنتیکی بالایی جهت تولید پروتئین دانه بیشتر (۱٤-۱۲ درصد و گاه تا ۲۲ درصد) می‌باشند (۲٤). در سال‌های اخیر با توجه به افزایش مصارف گندم دوروم در صنایع ماکارونی‌سازی و توسعه کارخانجات تولید ماکارونی، تحقیق در زمینه شناسایی ارقام پرمحصول و سازگار گندم دوروم منجر به شناسایی رقم پرمحصول سیمره گردیده است (۳). در خلال ده سال گذشته، تعداد ۹۰ رقم گندم در زمره ارقام مشتق‌شده از برنامه‌های اصلاح گندم سیمیت یا پروژه مشترک سیمیت - ایکاردا (۲۸) بودند که در ۲۱ کشور واقع در غرب و شمال آفریقا مورد پذیرش کشاورزان قرارگرفته است (۲٦).

پدیدهٔ اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای دانشمندان علوم ژنتیک، اصلاح‌نباتات و اصلاح‌دام دارای اهمیت ویژه‌ای است (٤). آگاهی از اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به اصلاح‌گران نبات کمک می‌کند تا در ارزیابی ژنوتیپ‌ها، با دقت بیشتری عمل کرده و بهترین ژنوتیپ‌ها را انتخاب کنند (٤ و ۲۵). در واقع در صورت معنی‌دار بودن اثر متقابل اصلاح‌گر باید بداند که علاوه بر وجود تفاوت‌های ژنتیکی، پاسخ ژنوتیپ‌ها به محیط‌های مختلف هم متفاوت خواهد بود و بنابراین باید ژنوتیپی انتخاب شود که کمترین واریانس را در واکنش به تغییرات محیطی نشان داده است و در صورت عدم وجود اختلاف معنی‌دار باید ژنوتیپ دارای بیشترین عملکرد انتخاب گردد (۱، ۹، ۱۹ و ۳۰). روش‌های زیادی برای تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط ارائه شده است. این روش‌ها را به سه گروه پارامتری، ناپارامتری و چندمتغیره تقسیم‌بندی می‌شوند (۱۲).

از جمله روش‌های چندمتغیره می‌توان به روش تجزیه خوشه‌ای و روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اشاره کرد. در روش تجزیه خوشه‌ای با داشتن n فرد و اندازه‌گیری p متغیر در هر فرد، افراد طوری گروه‌بندی می‌شوند که افراد مشابه‌تر در یک گروه قرار بگیرند (۱۷). هان و تروبرگ (۱۵) برای مقایسه روش‌های تجزیه خوشه‌ای دو پارامتر R و G را معرفی کردند که R میزان تشابه و G اندازه خوشهٔ مورد نظر می‌باشد. آنها همچنین نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای M محیط را به مجموعه‌ای از جفت محیط‌ها تقسیم‌بندی کردند که در این حالت محیط‌هایی که بصورت دو به دو در یک خوشه قرار گرفتند را مشابه فرض کردند و قرار گرفتن دو محیط را در یک خوشه در روش‌های مختلف تجزیه خوشه‌ای را دلیل تشابه این روش‌ها دانستند. بر این اساس آنها P را نسبت تشابه دو روش مختلف در قرار دادن محیط‌های مشابه در یک خوشه به کل حالت‌های ممکن جفت‌شدن دوتایی محیط‌ها تعریف کردند. با این توصیف با توسعهٔ تجزیه خوشه‌ای محققین از این روش برای تعیین پایداری ارقام استفاده کردند (۲۰ و ۲۷). روش‌های تجزیه خوشه‌ای ارائه شده بوسیلهٔ لین و باتلر (۲۱) تفاوت‌هایی با تجزیه خوشه‌ای معمولی دارد. آنها گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها را براساس رگرسیون و تجزیه واریانس به چهار مدل: ۱- مبتنی بر رگرسیون و میزان شباهت شیب خط رگرسیون و عرض از مبدأ ۲- مبتنی بر رگرسیون و میزان مشابهت شیب خط رگرسیون ۳- مبتنی بر تجزیه واریانس و میزان شباهت ژنوتیپ‌ها

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و ٤- مبتنی بر تجزیه واریانس و میزان شباهت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، انجام دادند. لین و باتلر (۲۱) در ابتدا ماتریس فاصلهٔ برای چهار روش گروه‌بندی فوق محاسبه کردند و پس از تجزیه خوشه‌ای نتایج حاصل از گروه‌بندی را به صورت یک دندروگرام نشان دادند. بر اساس نظر لین و تامسون (۲۰) هدف از رگرسیون در مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، جدا کردن اثرات منظم از تغییرات تصادفی است، اگر پاسخ هر ژنوتیپ در یک محیط بتواند بوسیله یک خط رگرسیون برآورد گردد، پاسخ‌های غیرموازی خط رگرسیون ژنوتیپ در محیط‌های مختلف بوسیله تفاوت بین مقادیر شیب خطوط رگرسیون نشان داده می‌شود. لین و باتلر (۲۱) در آزمایشی مدل‌های تجزیه واریانس مرکب را مورد استفاده قراردادند و در مدل‌های اول و دوم، اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به دو بخش اثر غیریکنواختی و باقیمانده تقسیم کردند. اثر غیریکنواختی، شامل تغییرات تصادفی است که در صورت معنی‌دار شدن بیانگر سهم عمدهٔ اثرات تصادفی نسبت به اثرات منظم است. اثرات منظم شامل عواملی همچون طول روز و شب، میزان نور و تغییرات فصلی می‌باشد و اثرات تصادفی شامل میزان بارندگی و تغییرات دمایی است. آنها براساس عملکرد ٤ واریته جو شش ردیفه در ۱۷ منطقه از کانادا، مدل‌های مبتنی بر رگرسیون (مدل‌های اول و دوم) را برای تجزیه خوشه‌ای بکار بردند و نتایج نشان داد که ۵ مکان انتخاب شده بوسیلهٔ این دو روش از نظر شرایط آب و هوایی و صرفه اقتصادی دارای شرایط ایده‌آل مورد نظر اصلاح‌گران بودند، و ۵ مکان را به عنوان نماینده ۱۷ مکان برای آزمایشات ناحیه‌ای برگزیدند. در تحقیق دیگری لین (۱۸) با استفاده از عملکرد ۵ واریته جو که در ٦ مکان کشت شده بودند، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها را بر مبنای مدل چهارم لین و باتلر (۲۱)، یعنی بر اساس ماتریس اثر متقابل ژنوتیپ × محیط انجام دادند. صباغ‌نیا (۱) در تحقیقی ۱۱ ژنوتیپ عدس را در شرایط دیم با استفاده از روش‌های تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر (۲۱) گروه‌بندی کرد. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۳، ۵، ۷ و ۱۰ در روش‌های اول و سوم در یک گروه قرار گرفتند و بقیه ژنوتیپ‌ها در گروه دوم جای گرفتند. در روش‌های دوم و چهارم لین و باتلر (۲۱) تقریباً تمام ژنوتیپ‌ها به‌جز ژنوتیپ‌های ٤ و ٦، هر کدام در یک گروه جداگانه قرار گرفتند (۱).

در روش چندمتغیره اثرات اصلی جمع‌پذیر و اثرات متقابل ضرب‌پذیر (AMMI[1]) ابتدا تجزیه واریانس معمولی بر روی داده‌های دوطرفه ژنوتیپ و محیط انجام می‌شود و سپس از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA[2]) اثرات متقابل محاسبه می‌شود (۱۰). برای تجزیهٔ اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط در آزمایشات مقایسه عملکرد زوبل و گاچ (۲۹) از روش امی استفاده کردند، این مدل در واقع تغییریافتهٔ روشی بود که قبلاً توسط گلوب (١٤) در علوم اجتماعی و علوم پایه به کار رفته بود. گاچ (۱۱) با بیان اینکه مدل امی ساختار داده‌های با ابعاد ماتریسی را به‌وسیله چند بردار مثل میانگین‌های ژنوتیپ و محیط و نیز مقادیر منفرد برای مؤلفه‌های اصلی اثر متقابل به ابعاد کوچک‌تر مدل‌بندی می‌کند، مدل‌هایی را که براساس میانگین تیمارها بیان می‌شوند مدل‌های کامل نامید که معمولاً نااریب می‌باشند در حالی‌که مدل‌هایی که از g × e × r (ژنوتیپ × محیط × تکرار) مشاهده در محاسبه استفاده می‌نمایند، مدل‌های کاهشی نامیده می‌شوند که ممکن است دارای اریب باشند. علت اریب‌بودن این روش‌ها این است که در این روش‌ها از تمام مؤلفه‌های اصلی و در نتیجه ریشه‌های مشخصه مربوطه استفاده نمی‌شود. انجام تجزیه واریانس در طرح‌های آزمایشی بدون تکرار ممکن نیست زیرا هیچ نوع برآوردی را برای خطا نمی‌توان بدست آورد. یک راه مفید برای استخراج اطلاعات مربوط به اثر متقابل این است که بر روی باقیمانده‌های حاصل از اثرات جمع‌پذیر، از روش تجزیه به مقادیر منفرد (S.V.D[3]) یا تجزیه به مولفه‌های اصلی استفاده گردد. به‌منظور تشخیص مؤلفه‌های اصلی در PCA و امی، مولفه‌های اصلی را در روش امی بصورت IPCA[4] نشان می‌دهند (۱۲). اگر در تجزیه امی فقط مؤلفه اصلی اول معنی‌دار شد و یا به عبارت دیگر مؤلفه اصلی اول بیش از ۹۰ درصد تغییرات را توجیه کرد مدل امی AMMI1 خوانده می‌شود و اگر دو مؤلفه اصلی اول

[1] Additive Main effects and Multiplicative Interaction
[2] Principal Component Analysis
[3] Singular Value Decomposition
[4] Interaction Principal Component Analysis

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

بیش از ۹۰ درصد تغییرات را توجیه کردند مدل امی AMMI2 خوانده می‌شود و به همین ترتیب برای مؤلفه‌های بعدی نشان داده می‌شود. حال اگر هیچکدام و یا مجموع چندتا از مؤلفه‌های اصلی معنی‌دار نشد مدل امی AMMI0 خوانده می‌شود که فاقد محورهای IPCA می‌باشد و همان مدل تجزیه واریانس است. مدل کامل امی که دارای حداقل (E-1, G-1) محور است را با AMMIF[5] نمایش می‌دهند (۱۲).

فرشادفر و سوتکا (۸) با استفاده از روش امی و تجزیه گرافیکی بای‌پلات پایداری ۲۲ ژنوتیپ گندم دوروم را در ایران مورد ارزیابی قرار دادند. نتایج نشان داد که ۹۲/۵ درصد از تغییرات مربوط به مجموع مربعات با استفاده از روش‌های AMMI1، AMMI2 و AMMI3 توجیه شد که این میزان ۴/۵ برابر بیشتر از روش تجزیه رگرسیون خطی بود. عملکرد و پایداری ۱۵ ژنوتیپ پیشرفته گندم دوروم در ۱۲ محیط با استفاده از روش AMMI توسط محمدی و همکاران (۲۳) مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که هیچ یک از ژنوتیپ‌های مورد بررسی برتری قابل توجهی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها نشان ندادند (۲۳). در تحقیقی فرشادفر (۷) پایداری ۲۰ ژنوتیپ گندم کشت شده در دو شرایط تنش آبی و آبیاری تکمیلی را با استفاده از آماره ارزش پایداری امی (ASV[6]) برای شاخص منفرد غیرپارامتری (GSI[7]) محاسبه نمود. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های شماره ۶ و ۱۷ با داشتن بیشترین میانگین عملکرد، به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند. محمدی و همکاران (۲۴) اخیراً در تحقیقی پایداری ۲۰ ژنوتیپ گندم دوروم را با استفاده از روش‌های غیرپارامتری ارزیابی کردند و دو روش جدید غیرپارامتری را برای انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار معرفی کردند.

در این تحقیق با استفاده از روش‌های چندمتغیره تجزیه خوشه‌ای و امی، پایدارترین ژنوتیپ گندم دوروم تعیین گردید.

مواد و روش‌ها

این تحقیق به منظور دستیابی به ارقام پرمحصول و سازگار با شرایط آب و هوایی مناطق دیم نیمه‌گرمسیری کشور اجرا شد. برای تهیه زمین هر سال قبل از کشت زمینی را که در سال گذشته آیش بوده با گاوآهن شخم زده و نسبت به نرم‌کردن خاک با دیسک و روتیواتور اقدام گردید. کود شیمیایی بر مبنای ۱۰۰ کیلوگرم فسفات آمونیوم و ۷۵ کیلوگرم اوره به هنگام عملیات تهیه زمین، بطور یکنواخت با خاک مخلوط گردید. تعداد ۱۹ ژنوتیپ پیشرفته گندم دوروم به همراه رقم شاهد سیمره که از آزمایشات پیشرفته مقایسه عملکرد (A-Test) گزینش شده بودند در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ٤ تکرار و ۵ منطقه گچساران، گنبد، مغان، کوهدشت و ایلام به‌مدت ۳ سال (۱۳۸۷-۱۳۸٤) و در کرت‌هایی به طول ۷/۰۳ متر و عرض ۱/۰۵ متر بر روی ٦ خط با فاصله ۱۷/۵ سانتیمتر و تراکم بذر ۳۰۰ دانه در مترمربع کشت گردیدند. مشخصات جغرافیایی و میزان بارندگی سالانه مناطق موردنظر در جداول شماره ۱ و ۲ درج شده است. پس از برداشت، عملکرد دانه توزین گردید. وزن هزار دانه، رنگ و کیفیت پرشدن دانه هر یک از ژنوتیپ‌های شرکت‌کننده در آزمایش کنترل و یادداشت گردید.

[5] AMMI Full
[6] AMMI Stability Value
[7] Genotype Stability Index

جدول ۱- خصوصیات جغرافیایی و اکولوژیکی مناطق اجرای پژوهش طی سال‌های ۱۳۸٤ تا ۱۳۸۷

	گچساران	گنبد	کوهدشت	ایلام	مغان
طول جغرافیایی	۵۰° ۵۰´ N	۳۷° ۱٦´ N	٤۸° ۲۸´ N	۳۳° ٤۷´ N	٤۷° ۸۸´ N
عرض جغرافیایی	۳۰° ۱۷´ E	۵۵° ۱۲´ E	۳۳° ۳۹´ E	٤٦° ۳٦´ E	۳۹° ۳۹´ E
ارتفاع از سطح دریا (متر)	۷۱۰	٤۵	۱۱۲۵	۹۷۵	۱۰۰
متوسط میزان بارندگی (میلی‌متر)	٤۵۰	۵۵۰	۵۲۰	۳۵۰	۳۱۲
میزان مواد آلی خاک (درصد)	۱	۱/۳	۱ >	۱ >	۱ >
تعداد روزهای یخبندان در سال (روز)	۱۵	۱۷	۲۵	۱۷	۱۲
متوسط حداکثر درجه حرارت‌مطلق(سانتی‌گراد)	٤۵	٤۵	۳۹	۳۹	٤۲

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

جدول ۲- میزان بارندگی سالانه مناطق محل اجرای پژوهش

ایستگاه	سال زراعی		
	۱۳۸٤-۸۵	۱۳۸۵-۸٦	۱۳۸٦-۸۷
گچساران	۵۶۰/۷	۵۱۱/۲	۱۸۷/۵
گنبد	۳۹۱/۲	۴۵۶/۸	۲۰۸
کوهدشت	۴۳۸/۳	۶۵۸/۱	۲۵۱
مغان	۱۸۲/۸	۱۷۳/۷	۲۱۱/۹
ایلام	۵۸۶	۴۷۰/۳	۱۷۱/۵

روش‌های مورد استفاده

الف. روش تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر

روش‌های تجزیه خوشه‌ای ارائه شده بوسیلهٔ لین و باتلر (۲۱) تفاوت‌هایی با تجزیه خوشه‌ای معمولی دارد. آنها گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها را براساس رگرسیون وتجزیه واریانس به چهار مدل ۱) مبتنی بر رگرسیون و میزان شباهت شیب خط رگرسیون و عرض از مبدأ، ۲) مبتنی بر رگرسیون و میزان مشابهت شیب خط رگرسیون، ۳) مبتنی بر تجزیه واریانس و میزان شباهت ژنوتیپ‌ها و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و ٤) مبتنی بر تجزیه واریانس و میزان شباهت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، انجام دادند. لین و باتلر (۲۱) در ابتدا ماتریس فاصلهٔ برای چهار روش گروه‌بندی فوق محاسبه کردند و پس از تجزیه خوشه‌ای نتایج حاصل از گروه‌بندی را به صورت یک دندروگرام نشان دادند (۱۱).

در چهار مدل ارائه شده توسط لین و باتلر (۲۱) شاخص‌های فاصله برای مدل‌های اول و دوم مقادیر صورت آزمون آمارهٔ F برای خط رگرسیون هستند، در حالی‌که این شاخص‌ها برای مدل‌های سوم و چهارم به‌ترتیب مربع فاصله اقلیدسی داده‌های تصحیح‌شده برای میانگین‌های ژنوتیپی و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است (۲۱). اگر روش گروه‌های جفت شده برای هر الگوریتم تجزیه خوشه‌ای استفاده شود، شاخص جدید فاصله بدست آمده از هر دورهٔ خوشه‌بندی می‌تواند بصورت کلی نشان داده شود که همه چهار فرمول را شامل می‌شود.

$$d(1,2,...,r) = 2[\sum_{1<i<i'}^{r} d(i,i')]/[r(r-1) \qquad (۱)$$

رابطهٔ ۱ می‌تواند برای روابط چهار مدل مذکور نیز بکار رود (۲۱). درجه آزادی لازم برای تعیین آمارهٔ F در جدول ٤ نشان داده شده است که ν1 درجه آزادی صورت و ν2 درجه آزادی مخرج F می‌باشد. در این جدول تعداد دوره‌های خوشه‌بندی با r، تعداد ژنوتیپ‌ها با m، تعداد محیط‌ها با n و شاخص فاصله با d نشان داده شده است. اگر دوره‌های اولیه تجزیه خوشه‌ای در نظر گرفته شود، کافی است با استفاده از رابطه ۱ و ماتریس فاصله مقدار حداقل شاخص فاصله بدست آید و با تقسیم این عدد بر روی میانگین مربعات خطا، مقدار آمارهٔ F محاسبه و با آمارهٔ F جدول مقایسه شود (جداول ٦ و ۷). بر اساس مدل‌های پیشنهادی لین و باتلر (۲۱) نقطه برش جایی انتخاب شد که آمارهٔ F محاسبه‌ای بزرگتر از F جدول باشد. تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم‌افزار S116 که توسط لین و بینز (۲۲) ارایه شده است، انجام گردید.

ب. روش تحلیل اثرات اصلی و اثرات متقابل ضرب‌پذیر (روش AMMI)

روش امی یا FANOVA[8] در واقع ترکیبی از مدل تجزیه واریانس (ANOVA) و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (P.C.A) است و مدل آن به‌صورت زیر است (۱۲):

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_n \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + p_{ge} + ger \qquad (۲)$$

در این فرمول Yger عملکرد ژنوتیپ gام در محیط eام در تکرار rام است. μ میانگین کل آزمایش، αg و βe به ترتیب اثرات اصلی ژنوتیپ و محیط، λn مقدار منفرد برای محور مؤلفهٔ اصلی nام، γgn بردار ویژه ژنوتیپ برای محور nام، δen بردار ویژه محیط

[8] Generalized Additive Main effects and Multiplicative Interaction

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

برای محور nام و pge مقدار باقیمانده یا نویز (Noise) و εger عبارت مربوط به خطاست. بخش اول مدل امی($\mu+\alpha_g+\beta_e$) یعنی بخش جمع‌پذیر از تجزیه واریانس معمولی استفاده می‌کند میانگین کل با اثر ژنوتیپی (αg) بصورت انحراف ژنوتیپ از میانگین کل و اثر محیطی (βe) به‌صورت انحراف محیط از میانگین کل برآورد می‌شود (۱۲). بخش دوم ($\sum_n \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en}$)، قسمت ضرب‌پذیر مدل امی است که از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به منظور تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط به یک تا N مؤلفه اصلی استفاده می‌کند، اما باید توجه داشت که در روش امی، محاسبات بر روی مقادیر اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط صورت می‌گیرد ولی در مؤلفه‌های اصلی، محاسبات بر روی تفاضل داده‌های اصلی از میانگین کل داده‌ها انجام می‌شود (۱۰).

محاسبه آماره پایداری ASV از فرمول زیر که اولین بار توسط پورشاز (۲۵) به‌کار برده شد:

$$ASV = \sqrt{\frac{SSIPCA\ 1}{SSIPCA\ 2}(IPCA\ 1)^2 + (IPCA\ 2)^2} \quad (۳)$$

کلیه محاسبات آماری این پژوهش با استفاده از نرم‌افزارهای Genstat 11 (۱۳) و S116 (۲۱) انجام گرفت.

نتایج و بحث

الف: روش تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر

نتایج حاصل از تجزیه واریانس ساده برای هر یک از محیط‌ها (ترکیب سال و مکان) به‌صورت جداگانه انجام شد (نتایج ارائه نشده است). اختلاف بین ژنوتیپ‌ها در تمام آزمایش‌ها بجز ایلام در سال زراعی ۸۶-۱۳۸۵ در سطوح احتمال ۵ درصد و یک درصد معنی‌دار بود که نشان از تنوع بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. برای انجام تجزیه مرکب ابتدا آزمون یکنواختی واریانس اشتباهات آزمایشی با استفاده از آزمون بارتلت انجام گردید و پس از حذف ۴ محیط نتیجه این آزمون نشان داد که واریانس‌ها یکنواخت بوده و می‌توان عملیات تجزیه مرکب را برای کل داده‌ها انجام داد. تجزیه واریانس مرکب داده‌ها برای ۵ مکان در ۳ سال انجام آزمایش با حذف ۴ محیط آزمایشی به خاطر عدم یکنواخت بودن واریانس‌ها (۱۱ محیط باقی ماندند) نشان داد که اثر ژنوتیپ در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۳). معنی‌دار بودن اثر ژنوتیپ نیز نشان‌دهنده تفاوت ژنوتیپ‌ها از لحاظ عملکرد می‌باشد به عبارت دیگر در مکان‌ها و سال‌های مختلف، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه عملکرد متفاوتی را نشان داده‌اند. با توجه به نتایج حاصل، اثرات محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود. معنی‌دار بودن اثر محیط نشان می‌دهد که محیط‌ها از نظر عملکرد با هم اختلاف دارند. معنی‌دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ و محیط نیز نشان‌دهنده این است که عملکرد ژنوتیپ‌ها از محیطی به محیط دیگر اختلاف دارد. با توجه به معنی‌دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، در این پژوهش برای معرفی ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌های پایدار از روش‌های تجزیه خوشه‌ای ارائه شده توسط لین و باتلر (۲۱) و امی استفاده شد.

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب برای چهار مدل لین و باتلر (۱۹۹۰) برای عملکرد ژنوتیپ‌های گندم دوروم

مدل	منابع تغییرات	درجه‌آزادی	میانگین مربعات
اول و دوم	محیط (E)	۱۰	۱۰۲۳۰۰۲۰**
	ژنوتیپ (G)	۱۹	۱۸۱۹۲۲/۹**
	اثر متقابل(G × E)	۱۹۰	٦٨٦٨٧/٧٥ns
	غیریکنواختی	۱۹	٦٥٢٥٥/١٨**
	باقیمانده	۱۷۱	٦٩٠٦٩/١٤
	خطا (e_2)	۶۲۷	١١١٤١١/٠٣
سوم و چهارم	اثر متقابل(G × E)	۱۹۰	٦٨٦٨٧/٧٥
	خطا (e_2)	۶۲۷	١١١٤١١/٠٣

ns، * و ** به‌ترتیب عدم اختلاف معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

جدول ۴- معیار فاصله، درجهٔ آزادی شاخص و خطا در مدل‌های مختلف تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر (۱۹۹۰)

روش	درجه آزادی		معیار فاصله
	شاخص(v_1)	خطا(v_2)	
اول	2(r-1)	(m-1) (n-2)	$d_1(1,2,...,r)=[\sum_{i=1}^{r} SSD(1,2,....r)-\sum SSD(i)]/[2(r-1)]$
دوم	(r-1)	(m-1) (n-2)	$d_2(1,2,...,r)=[\sum_{i=1}^{r} SSR(i)-SS(1,2,...,r)]/(r-1)$
سوم	n(r-1)	از منابع دیگر	$d_3(1,2,...,r)=[SS(GE)+SS(G)]/[n(r-1)]$
چهارم	(n-1) (r-1)	از منابع دیگر	$d_4(1,2,...,r)=SS(GE)/[(n-1)(r-1)]$

در تجزیه واریانس مرکب به‌دست آمده از مدل‌های اول و دوم اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به دو بخش اثر غیریکنواختی و باقیمانده تقسیم شد (جدول۳). منظور از غیریکنواختی همان تغییرات تصادفی است که در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار گردید، بدین‌معنی که سهم اثرات تصادفی از اثرات منظم بیشتر است. با توجه به نتایج لین و باتلر (۲۱)، لین (۱۸) و لین و بینز (۱۹) می‌توان اظهار داشت که احتمالاً سهم تغییرات دمایی و میزان بارندگی در بوجود آمدن اثر متقابل می‌تواند بیشتر از تغییرات فصلی و طول شب و روز می‌باشد.

برای انجام تجزیه خوشه‌ای ابتدا ماتریس فاصله برای هر روش محاسبه شد. ماتریس مدل اول از اختلاف انحراف رگرسیونی تلفیق شده و انحرافات رگرسیونی منفرد به‌دست آمد. سایر ماتریس‌های فاصله هم از فرمول‌های جدول ۴ به‌دست آمدند. نتایج تجزیه رگرسیون خطی و مقادیر مجموع مربعات رگرسیون خطی انفرادی به‌همراه مقادیر مجموع مربعات رگرسیون خطی، باقیمانده و کل، جمع‌شده روی تمام ژنوتیپ‌ها و انحراف از خط رگرسیون در جدول شماره ۵ درج شده است. با توجه به مقادیر کوچکترین شاخص فاصله و مقادیر SS موجود و با استفاده از فرمول‌های ارائه شده در مقاله لین و باتلر (۲۱) حداقل مقدار شاخص فاصله تعیین شد. با توجه به اینکه جواب روش‌های اول و سوم و همچنین روش‌های دوم و چهارم مشابه بود فقط روش‌های خوشه‌بندی نوع اول و دوم آورده شده است (جداول ۶ و ۷). نتایج این تحقیق از نظر تشابه روش‌های اول و سوم و روش‌های دوم و چهارم با نتایج بدست آمده از تحقیق صباغ‌نیا (۱) مطابقت کامل دارد. به اعتقاد لین و باتلر (۲۱) اگر اثر متقابل بوسیله مدل رگرسیونی فینلی و ویلکینسون (۹) بیان شود از مدل اول و دوم استفاده می‌کنیم که به دو دلیل می‌باشد: اول اینکه مقایسه افراد بر پایه پاسخ خطوط رگرسیون است. بنابراین خطای تصادفی حذف می‌شود و دوم اینکه میانگین مربعات انحراف از رگرسیون تخمین مناسبی از خطا را برآورد می‌کند. نتایج تجزیه خوشه‌ای مدل‌های اول و سوم تقریباً مشابه بودند و ژنوتیپ‌ها را به دو گروه مجزا تقسیم کردند: ژنوتیپ‌های با پایداری بالا و عملکرد بسیار خوب، که فقط ژنوتیپ شماره ۱۴ در این دسته قرار گرفت. ژنوتیپ‌های با پایداری متوسط که شامل ۱۹ ژنوتیپ باقیمانده بود که با توجه به میانگین عملکرد این ژنوتیپ‌ها می‌توان آنها را به دو دسته ژنوتیپ‌های با عملکرد خوب شامل ژنوتیپ شمارهٔ ۳ و ژنوتیپ‌های با عملکرد نسبتاً ضعیف شامل ژنوتیپ‌های شمارهٔ ۵، ۱۱ و ۱۸ تقسیم‌بندی کرد (شکل ۱).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

جدول ۵- مقایسه میانگین، رتبهٔ ژنوتیپ‌های گندم دوروم در تجزیه واریانس مرکب و رگرسیون خطی عملکرد هر ژنوتیپ روی شاخص محیطی براساس مدل‌های اول و دوم لین و باتلر

کد ژنوتیپ	شجره یا نام ژنوتیپ	درجه‌آزادی	SSرگرسیون خطی	درجه‌آزادی	SSباقیمانده	SSکل	شیب خط
۱	SRN-1/KILL//2*FOLTA-1	۱	٤١٥٤٤٩٦	۹	۷۳۴۵۰	۴۸۱۵۵۵۰	۰/۹۰۱
۲	GREEN-14//YAV-10/AUK	۱	٥٧٢٦٧٨٤	۹	۷۵۲۴	۵۷۹۴۵۱۴	۱/۰۵۸
۳	GA//2*CHEN/ALTAR84	۱	٦٠٤٢٦٤٧	۹	۶۰۳۲۷	۶۵۸۵۶۰۱	۱/۰۸٦
٤	BCR//MEMO/GOO/3/STJ7	۱	٥٠٢٧٧٨٣	۹	۱۱۷۴۷۵	۶۰۸۵۰۷۵	۰/۹۹۱
٥	SERRATOR-1//SRN-3/AJAIA-15	۱	٤٥٧٧٣٢٩	۹	۲۷۳۸۷	۴۸۲۳۷۴۸	۰/۹٤٦
٦	D68-1-93A-1A//Ruff/Fg/3Mtl-5/4/Lahn	۱	٥٤٨٨٠٦١	۹	۵۳۰۶۹	۵۹۶۵۶۸۵	۱/۰۳۵
۷	D68-1-93A-1A//Ruff/Fg/3Mtl-5/4/Lahn	۱	٤١٦٨٣٩٥	۹	۶۱۹۳۵	۴۷۲۵۸۲۹	۰/۹۰۲
۸	GREEN-14//YAV-10/AUK	۱	٤٨٦٧١٥٨	۹	۵۶۷۴۲	۵۳۷۷۸۴۰	۰/۹۷۵
۹	Bisu-1//CHEN-1/TEZ/3/HUI//CIT71/Cll	۱	٤١١٥٠٣٣	۹	۳۷۷۵۸	۴۴۵۴۸۷۳	۰/۸۹٦
۱۰	Bcr/3/Ch1//Gta/Stk/4/Bcr/Lks4ICD92-01 50-Cabl -11AP-0AP-8AP-0TR-4AP-0AP	۱	٤٢٢٥٢٢٣	۹	۸۰۵۰۹	۴۹۴۹۸۲۲	۰/۹۰۸
۱۱	Gsb1-1/4/D68/1/93A-1A//Ruff/Fg/3/Mtl-5I CD95-1174-C-2AP-0AP-2AP-0AP	۱	۲۷۲۶۱۵۸	۹	۶۷۳۷۰	۳۳۳۲۵۰۳	۰/۷۳۰
۱۲	Altar84/Stn/Wdz-2ICD92-MABL-0238-4AP-0AP-5AP-0TR-15AP-0AP	۱	۷۲۶۷۵۹۷	۹	۱۲۹۵۳۳	۸۴۳۳۴۲۴	۱/۱۹۲
۱۳	DON-Md 81-36	۱	۴۶۸۴۰۱۰	۹	۴۴۲۶۷	۵۰۸۲۴۲۵	۰/۹۵۶
۱۴	Stj3//Bcr/Lks4	۱	۵۴۰۰۳۳۸	۹	۸۱۲۳۸	۶۱۳۱۴۹۱	۱/۰۲۷
۱۵	Stj//Bcr/LKS41CD94	۱	۵۲۰۳۱۱۱	۹	۵۵۲۸۴	۵۷۰۰۶۷۵	۱/۰۰۸
۱۶	OUASERL-1 ICD96-0758-C-2AP-0AP-5AP	۱	۷۰۶۳۴۹۲	۹	۴۲۳۳۰	۷۴۴۴۴۸۸	۱/۱۷۵
۱۷	TRE97/4/GdoVz512/CIT/RUFF/FG/3/ENTE/MARIO//CAICD97-1044-C-0AP-6AP-AP	۱	۵۷۳۶۶۴۲	۹	۶۷۱۰۴	۶۳۴۰۵۸۵	۱/۰۵۹
۱۸	MARSYR-6 ICD95-1127-T-0AP-9AP-0AP-7AP-0AP-5AP-AP	۱	۶۲۳۵۷۸۷	۹	۱۲۱۱۹۰	۷۳۲۶۵۰۴	۱/۱۰۴
۱۹	ETH-LRBRA1-133/3*ALTER84 CDSP91 B931-A-1H-030Y-030M-3Y-0M-1Y-0B	۱	۶۶۹۷۰۹۵	۹	۵۱۶۰۲	۷۱۶۱۵۲۵	۱/۱۴۴
۲۰	SAIMAREH	۱	۴۱۳۲۹۶۹	۹	۷۶۱۹۹	۴۸۱۸۷۷۱	۰/۸۹۸
	SS_{pooled}		۶۵۶۱۴/۶۷	۱۸۰			–
	رگرسیون مشترک		۱۰۲۳۰۰۲۷۱	۲۰			

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

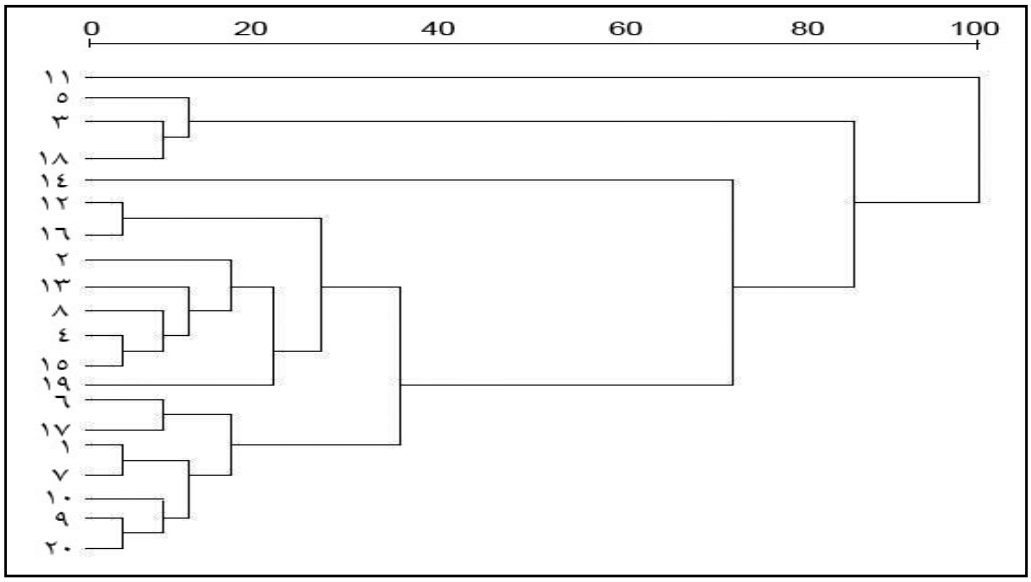
جدول ۶- محاسبهٔ کوچکترین شاخص فاصله در هر دوره خوشه‌بندی و تعیین نقطهٔ برش برای مدل اول

دوره	گروه بندی ژنوتیپ های گندم دوروم	حداقل شاخص‌فاصله	F محاسبه‌شده	درجه آزادی v1	درجه آزادی v2	F جدول
۱	(۲۰) و (۹)	٦۲/۳٤	۰/۰۰۰۹	۲	۱۷۱	۳/۰۵
۲	(۱۵) و (٤)	٦۳۲/۳۸	۰/۰۰۹٦	۲	۱۷۱	۳/۰۵
۳	(۲۰و۹) و (۱۰)	۲۰۹۹/۸۰	۰/۰۳۲۰	٤	۱۷۱	۲/٤۲
٤	(۱۵و٤) و (۸)	۲٤۰۳/۸۳	۰/۰۳٦٦	٤	۱۷۱	۲/٤۲
۵	(۷) و (۱)	۲۹۳۵/۹	۰/۰٤٤۷	۲	۱۷۱	۳/۰۵
٦	(۱٦) و (۱۲)	۳۰۹٦/۷۸	۰/۰٤۷۱	۲	۱۷۱	۳/۰۵
۷	(۱۵و۸و٤) و (۱۳)	۳۳۹٦/۳۸	۰/۰۵۱۷	٦	۱۷۱	۲/۱۵
۸	(۱۷) و (٦)	٤۹٤۰/٤۳	۰/۰۷۵۳	۲	۱۷۱	۳/۰۵
۹	(۱۸) و (۳)	۷۷٤٤/۳٦	۰/۱۱۸۰	۲	۱۷۱	۳/۰۵
۱۰	(۱۵و۱۳و۸و۳) و (۲)	۱۰۳۷۸/۵۷	۰/۱۵۸۱	۸	۱۷۱	۱/۹۹
۱۱	(۲۰و۱۰و۹) و (۷و۱)	۱۱۷٤۹/۳۳	۰/۱۷۹۰	۸	۱۷۱	۱/۹۹
۱۲	(۱۵و۱۳و۸و٤و۲) و (۱۹)	۲٦۷۰٦/۷۸	۰/٤۰۷۰	۱۰	۱۷۱	۱/۸۹
۱۳	(۲۰و۱۹و۱۰و۷و۱) و (۱۷و٦)	۳۱٤۱۰/۱۵	۰/٤۷۸۷	۱۲	۱۷۱	۱/۸۱
۱٤	(۱۸و۳) و (۵)	٤۹٦٤۹/۵٤	۰/۷۵٦٦	٤	۱۷۱	۲/٤۲
۱۵	(۱۹و۱۵و۱۳و۸و٤و۲) و (۱٦و۱۲)	۵۳۲۵۷/٤۵	۰/۸۱۱٦	۱٤	۱۷۱	۱/۷۵
۱٦	(۲۰و۱۷و۱۰و۹و۷و٦و۱) و (۱۹و۱٦و۱۵و۱۳و۱۲و۸و٤و۲)	٦۹۰۸٤/۷۲	۱/۰۵۲۸	۲۸	۱۷۱	۱/۵۵
۱۷	(۲۰و۱۹و۱٦و۱۵و۱۳و۱۲و۸و٤و۲و۱و۱۷و۱۰و۹و۷و٦) و (۱٤)	۱۰۳۷۵۳/٤۰	۱/۵۸۱۲*	۳۰	۱۷۱	۱/۵۳
۱۸	(۲۰و۹و۱۰و۷و۱و۱۷و۱٦و۱۹و۱۵و٤و۸و۱۳و۲و۱٦و۱۲و۱٤) و (۱۸و۵و۳)	۱۵۱۵۷۹/۵۰	۲/۳۱۰۱	۳٦	۱۷۱	۱/۵۰
۱۹	(بقیه ژنوتیپ‌ها) و (۱۱)	۲۱۰۰۹۳/۵۰	۳/۲۰۱۹	۳۸	۱۷۱	۱/٤۹

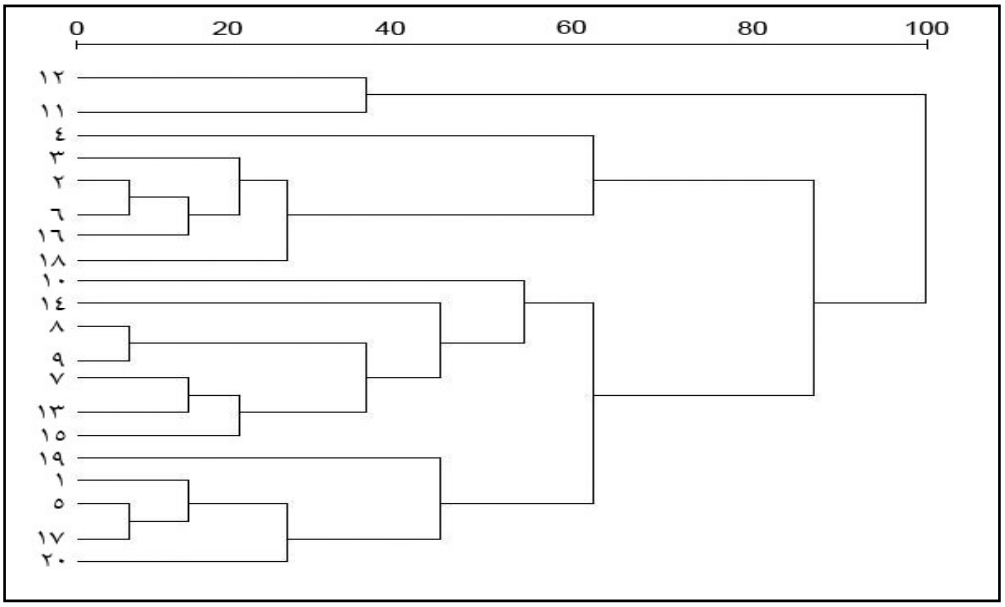
* معنی‌دار در سطح احتمال پنج درصد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]



شکل۱ – دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای مدل اول



شکل۲– دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای مدل دوم

جدول ۷– محاسبهٔ کوچکترین شاخص فاصله در هر دوره خوشه‌بندی و تعیین نقطهٔ برش برای مدل چهارم

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

دوره	گروه بندی ژنوتیپ‌های گندم دوروم	حداقل شاخص فاصله	F محاسبه‌شده	درجه آزادی		F جدول
				v1	v2	
۱	(٦) و (۲)	۳۵۸۱۸	۰/۳۲۱۵	۱۰	٦۲۷	۱/۸۸
۲	(۱۷) و (۵)	٤٤۱٦۳	۰/۳۹٦٤	۱۰	٦۲۷	۱/۸۸
۳	(۱۳) و (۷)	٤٦۱۰۱	۰/٤۱۳۸	۱۰	٦۲۷	۱/۸۸
٤	(۱٦) و (٦و۲)	٤۸۱۵۱	۰/٤۳۲۲	۲۰	٦۲۷	۱/٦۲
۵	(۹) و (۸)	۵۷۵۲۱	۰/۵۱٦۳	۱۰	٦۲۷	۱/۸۸
٦	(۱٦و٦و۲) و (۱۳)	٦۳٦۳۸	۰/۵۷۱۲	۳۰	٦۲۷	۱/۵۲
۷	(۱۷و۵) و (۱)	٦۷٦۱۵	۰/٦۰٦۹	۲۰	٦۲۷	۱/٦۲
۸	(۱۳) و (۷)	٦۹۷۳۲	۰/٦۲۵۹	۱۰	٦۲۷	۱/۸۸
۹	(۱۹) و (۱۲)	۷۱۵۰۳	۰/٦٤۱۸	۱۰	٦۲۷	۱/۸۸
۱۰	(۱۷و۵و۱) و (۲۰)	۸۱۷۹۸	۰/۷۳٤۲	۳۰	٦۲۷	۱/۵۲
۱۱	(۱۵و۱۳و۷) و (۹و۸)	۸۵٦۰۸	۰/۷٦۸٤	٤۰	٦۲۷	۱/٤٦
۱۲	(۱٦و٦و۳و۲) و (۱۸)	۹۰٤۹۹	۰/۸۱۲۳	٤۰	٦۲۷	۱/٤٦
۱۳	(۱۵و۱۳و۹و۷و۸) و (۱٤)	۹۳۹۵۲	۰/۸٤۳۳	۵۰	٦۲۷	۱/٤۱
۱٤	(۱۹) و (۲۰و۱۷و۵و۱)	۱۰٦۸۸۷	۰/۹۵۹٤	٤۰	٦۲۷	۱/٤٦
۱۵	(۱۵و۱۳و۱٤و۹و۸و۷) و (۱۰)	۱۱۲٦٦	۰/۹۹۸۷	٦۰	٦۲۷	۱/۳۹
۱٦	(۱۸و۱٦و٦و۳و۲) و (٤)	۱۱۸۷٤۱	۱/۰٦۵۸	۵۰	٦۲۷	۱/٤۱
۱۷	(۲۰و۱۷و۱۹و۵و۱) و (۱۰و۱٤و۸و۹و۷و۱۳و۱۵)	۱٤۰۳٦٦	۱/۲۵۹۹	۱۱۰	٦۲۷	۱/۳۲
۱۸	(۲۰و۱۷و۱۵و۱٤و۱۳و۱۹و۱۰و۹و۸و۷و۵و۱) و (۱۸و۱٦و٦و٤و۳و۲)	۱۵۵۷٦۳	۱/۳۹۸۱*	۱۷۰	٦۲۷	۱/۲۸
۱۹	(بقیه ژنوتیپ‌ها) و (۱۱و۱۲)	۱٦٦۱۸۰	۱/٤۹۱٦	۱۹۰	٦۲۷	۱/۲٦

* معنی‌دار در سطح احتمال پنج درصد

نتایج تجزیه خوشه‌ای مدل‌های دوم و چهارم تقریباً مشابه بودند و نقطه برش را در خوشه هیجدهم قرار دادند که شامل دو گروه ژنوتیپ می‌شد. یک گروه ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۳، ۴، ۶، ۱۶ و ۱۸ و گروه دیگر هم بقیه ژنوتیپ‌ها به غیر از ژنوتیپ‌های شماره ۱۱ و ۱۲ که در خوشه نوزدهم با سایر ژنوتیپ‌ها خوشه آخر را تشکیل می‌دهند. ژنوتیپ‌های شماره ۱۱ و ۱۲ دارای بیشترین پایداری بودند اما ژنوتیپ شماره ۱۱ به‌دلیل عملکرد پایین‌تر از میانگین کل به‌عنوان ژنوتیپ پایدار انتخاب نشد و فقط ژنوتیپ شماره ۱۲ در این دو روش به عنوان پایدارترین ژنوتیپ انتخاب شد (شکل ۲). نقطه قوت روش‌های تجزیه خوشه‌ای لین و باتلر (۲۱) استفاده از F جدول برای تعیین نقطه برش می‌باشد که در سایر روش‌های تجزیه خوشه‌ای این ویژگی را شاهد نیستیم ولی بزرگترین نقطه ضعف این روش‌ها نداشتن نرم‌افزار تحت سیستم عامل ویندوز است که باعث می‌شود که دندروگرام‌ها با کیفیت پایینی ارایه شوند.

ب: روش تجزیه AMMI

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

جهت انجام تجزیه امی ابتدا ماتریس Z یا ماتریس انحراف حاصل از اثرات جمع‌پذیر محاسبه شد و سپس تجزیه به مولفه‌های اصلی یک بار بر روی ماتریس Z برای ژنوتیپ‌ها و بار دیگر بر روی ماتریس ´Z برای محیط‌ها انجام شد. اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل (IPC1)، بیشترین سهم (۵۶/۷ درصد) را در بیان اثر متقابل ژنوتیپ و محیط داشت و بقیه مؤلفه‌های دیگر در درجات بعدی اهمیت قرار داشتند. سهم تجمعی مؤلفه‌های اصلی نیز محاسبه گردید. از آنجا که ۴ مؤلفه اول بیش از ۹۰ درصد تغییرات کلی را توجیه می‌کردند که از این نظر با تحقیقات محمدی و همکاران (۲۳) و فرشادفر و همکاران (۷) هم‌سو نمی‌باشد. نتایج حاصل از تجزیه واریانس امی نیز در جدول شماره ۸ درج گردیده است. معنی‌دار بودن F تیمار نشان‌دهنده اختلاف بین ترکیب‌های مختلف ژنوتیپ و محیط بود. معنی‌دار بودن F مدل نیز بیانگر برازش خوب مدل امی با داده‌ها بود و از این لحاظ با تحقیقات دی‌ویتا و همکاران (۶)، محمدی و همکاران (۲۳) و فرشادفر و همکاران (۷) مطابقت دارد. منابع تغییرات ژنوتیپ و محیط و نیز اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و نیز پنج مؤلفه اصلی اثر متقابل برای آزمایش در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند. مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در کل ۹/۱ درصد از مجموع مربعات کل را به خود اختصاص داده بود و این موضوع در مورد درجه آزادی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط ۲۱/۶ درصد بود. به طور متوسط اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل ۵۶/۷ درصد، دومین مؤلفه ۱۴/۹ درصد، سومین مؤلفه ۱۰/۲ درصد و چهارمین مؤلفه ۸/۵ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه نموده در حالی که مؤلفه‌های اصلی باقیمانده در مدل، ۹/۷ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را بیان کردند.

ژنوتیپ‌های دارای مقادیر اولین مولفه اصلی (IPCA1) بزرگ (مثبت یا منفی) اثر متقابل بالایی با محیط دارند درحالی‌که ژنوتیپ‌ها و محیط‌های دارای مقادیر اولین مولفه اصلی نزدیک به صفر دارای اثر متقابل پایینی هستند. بنابراین ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۴ و ۱۴ به‌ترتیب با ۳/۰۵، ۰/۸۳ و ۵/۷۳ دارای کمترین مقادیر IPCA1 هستند و علاوه بر این میانگین عملکرد دانه این ژنوتیپ‌ها مناسب و بیشتر از میانگین کل است و بنابراین به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار با سازگاری عمومی بالا معرفی می‌شوند (جدول ۹). محیط‌های شماره ۳، ۵، ۷ و ۹ که به ترتیب گنبد (سال اول)، کوهدشت (سال اول)، کوهدشت (سال سوم) و مغان (سال سوم) می‌باشند دارای کمترین مقدار (IPCA1) می‌باشند و بنابراین دارای کمترین اثر متقابل می‌باشند و محیط‌هایی هستند که به نسبت محیط‌های دیگر پایداری عملکرد بهتری داشتند ولی به‌غیر از محیط شماره ۵ (کوهدشت سال سوم)، سه محیط دیگر میانگین عملکرد پایین‌تری نسبت به میانگین کل داشتند (جدول ۱۰).

نتایج براساس پارامترASV ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۴ و۸ با داشتن کمترین مقادیر اثرمتقابل، به‌ترتیب ۳/۷۶، ۳/۸۱ و ۸/۴۹ به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شدند و ژنوتیپ‌های شماره ۱۱ و ۱۸ با دارا بودن بیشترین مقادیر ASV به‌ترتیب ۱۹/۰۷ و ۱۸/۷۵ به عنوان ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند (جدول۹).

ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۳، ۴، ۷، ۸، ۱۲، ۱۴، ۱۵، ۱۶، ۱۸ و ۱۹ و محیط‌های شماره ۳، ۵، ۶، ۹ و ۱۰ دارای مقادیر IPCA1 با علامت مثبت اثرمتقابل مثبت ایجاد می‌کنند و بقیه ژنوتیپ‌ها و محیط‌های دارای مقادیر IPCA1 با علامت منفی، واکنش اثر متقابل منفی ایجاد می‌کنند.

از مهم‌ترین کاربردهای روش AMMI می‌توان به تعیین سازگاری خصوصی ژنوتیپ‌ها و معرفی یک یا چند ژنوتیپ برای یک یا چند منطقه خاص اشاره کرد. جدول شماره ۱۱، چهار ژنوتیپی که انتخاب اول تا چهارم روش امی برای هر محیط (ترکیبی از سال و مکان) هستند نمایش داده شده‌اند. نتایج نشان می‌دهد که برای منطقه گچساران دو ژنوتیپ ۱۴ و ۹ با میانگین عملکرد دانه ۳۲۱۸ و ۲۹۶۰ کیلوگرم در هکتار در مجموع دو سال انتخاب شدند. در منطقه گنبد ژنوتیپ شماره ۱۹ با میانگین عملکرد ۳۰۴۵ کیلوگرم در هکتار به‌عنوان پایدارترین و برترین ژنوتیپ انتخاب شد و در منطقه کوهدشت هم ژنوتیپ شماره ۴ به‌عنوان برترین ژنوتیپ انتخاب گردید. در منطقه مغان دو ژنوتیپ شماره ۱۴ و ۱۲ به‌عنوان سازگارترین ژنوتیپ‌ها انتخاب گردیدند و در ایلام هم دو ژنوتیپ شماره ۴ و ۱۴ به‌عنوان سازگارترین و برترین ژنوتیپ‌ها انتخاب گردیدند.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

از مزایای روش اثرات اصلی افزایشی و اثرات متقابل ضرب‌پذیر (AMMI) که از سال ۱۹۸۸ وارد علوم کشاورزی شده می‌توان به استفاده هم‌زمان از روش‌های تجزیه واریانس ساده و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نام برد. پارامترهای پایداری AMMI هم موجب راحتی انتخاب ژنوتیپ‌های برتر می‌شود. در این روش ژنوتیپ‌ها در هر محیط رتبه‌بندی می‌شوند و از این‌رو می‌توان اولویت‌های ژنوتیپی را در محیط‌های مختلف تعیین کرد. البته این روش دارای ایراداتی هم هست که برای توضیح بیشتر پیشنهاد می‌شود به تحقیقات کرنلیوس (۵) و کریمی‌زاده و همکاران (۲) مراجعه شود. کرنلیوس(۵) دو سوال مهم در رابطه با مدل امی مطرح کرد: ۱-چند عامل ضرب‌پذیر پاسخ مناسب‌تر و صحیح‌تر به ما می‌دهند و ۲- چند عامل ضرب‌پذیر برای یک مدل امی تخمین زده می‌شود. برای تخمین مناسب اثرات ضرب‌پذیر، F_{GH1} و F_{GH2} را برای مدل امی یا هر مدل ضرب‌پذیر دیگر مثل تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه‌تشخیص معرفی شد.

محاسبه عددی F_{GH1} و F_{GH2} توسط کرنلیوس (۵) بصورت عملی بر روی داده‌های واقعی انجام گرفت. برای محاسبه F_{GH1} و F_{GH2} نیاز به برآورد یک‌سری پارامتر داریم برای رفع این مشکل اگر تعداد ژنوتیپ کمتر از ۱۹ و تعداد محیط کمتر از ۹۹ باشد این پارامترها از جدول ویژه‌ای بدست می‌آیند (کرنلیوس (۵)، اما اگر دامنه محیط و ژنوتیپ فراتر از این حد باشد از فرمول‌های اصلی استفاده می‌کنیم (۵).

جدول ۸. تجزیه واریانس مرکب روش امی برای عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم مورد پژوهش

منابع تغییر	درجه آزادی	SS	MS	F
کل	۸۷۹	۵۷۰۲۳۶۵۳۸	٦٤٨٧٣٣	–
تیمار	۲۱۹	٤٧٥٢٢٤٢٤٢	۲۱٦۹۹۷٤	۱۹/۴۸ **
ژنوتیپ	۱۹	۱۳۸۲۵۵۱۹	۲۷۷٦٥۹	٦/٥۳ **
محیط	۱۰	٤۰۹۱۹۲۳۰۷	٤۰۹۱۹۲۳۱	٥۳/٦۸ **
بلوک	۳۳	۲٥۱٥٦٥٤۸	۷٦۲۳۲۰	٦/۸٤ **
اثر متقابل	۱۹۰	٥۲۲۰٦٤۱٦	۲۷٤۷۷۱	۲/٤۷ **
IPCA1	۲۸	۱۲٦۸۸۲۰۳	٤٥۳۱٥۰	٤/۰۷ **
IPCA2	۲٦	۹٤۰۷۹۹۰	۳٦۱۸٤٦	۳/۲٥ **
IPCA3	۲٤	۹۰۸۱٤۱٥	۳۷۸۳۹۲	۳/٤ **
IPCA4	۲۲	٦٦۰۰۲۱۹	۳۰۰۰۱۰	۲/٦۹ **
IPCA5	۲۰	٥٤٦۳۲۸۸	۲۷۳۱٦٤	۲/٥٤ **
IPCA6	۱۸	۳۸٤۷٦٦۱	۲۱۳۷٥۹	۱/۹۲ *
باقیمانده	٥۲	٥۱۱۷٦٤۰	۹۸٤۱٦	۰/۸۸
خطا	٦۲۷	٦۹۸٥٥۷٤۸	۱۱۱٤۱۳	–

* و ** به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

جدول۹- مقادیر مولفه‌های اصلی اول، دوم و سوم و پارامتر ASV برای ژنوتیپ‌های گندم دوروم

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

ژنوتیپ	عملکرد (kg/ha)	IPCA1	IPCA2	IPCA3	IPCA4	ASV
۱	۲۸۷۸	−۱۲/۴۲	۵/۰۰	−۸/۵۸	−۵/۶۲	۱۵/۲۷
۲	۲۹۷۰	۳/۰۶	−۱/۲۳	۴/۵۲	۱/۳۰	۳/۷۶
۳	۲۸۰۵	۷/۰۳	۰/۷۵	۱/۷۹	−۱۲/۵۹	۸/۲۰
۴	۳۰۰۷	۰/۸۴	۳/۶۸	۲۲/۳۳	−۲/۱۸	۳/۸۱
۵	۲۷۲۰	−۵/۹۰	۹/۷۵	۱/۴۵	−۱/۲۶	۱۱/۹۱
۶	۲۹۲۲	۱۰/۱۷	−۷/۴۸	۷/۸۴	۱/۱۲	۱۳/۹۸
۷	۲۹۰۳	۱/۲۰	−۱۲/۳۱	−۹/۱۳	۵/۳۹	۱۲/۳۹
۸	۳۰۲۷	۲/۰۴	−۸/۱۵	−۷/۲۸	−۱۰/۵۶	۸/۴۹
۹	۲۹۶۰	−۹/۰۷	−۷/۸۰	−۲/۳۴	−۰/۱۴	۱۳/۱۱
۱۰	۲۹۳۴	−۱۰/۷۵	−۶/۳۹	۲/۰۰	۱۰/۷۶	۱۴/۰۳
۱۱	۲۶۱۸	−۱۶/۳۹	۱/۵۳	۳/۵۶	−۱۰/۷۳	۱۹/۰۷
۱۲	۲۹۲۸	۸/۸۷	۱۵/۵۷	−۱۸/۱۵	۷/۸۷	۱۸/۶۷
۱۳	۲۹۹۹	−۶/۹۳	−۷/۶۶	−۸/۲۳	۱۰/۶۲	۱۱/۱۱
۱۴	۳۲۱۸	۵/۷۳	−۱۲/۹۲	۱/۹۳	۰/۴۸	۱۴/۵۴
۱۵	۳۰۰۷	۷/۴۵	−۸/۹۷	−۷/۸۳	−۹/۹۲	۱۲/۴۹
۱۶	۲۹۵۲	۱۲/۶۵	۳/۳۵	۲/۳۶	۶/۹۴	۱۵/۰۷
۱۷	۲۸۹۴	−۵/۲۵	۱۶/۴۶	۳/۸۹	۱/۶۸	۱۷/۵۶
۱۸	۲۷۶۶	۱۶/۰۸	۱/۷۴	۱۰/۲۲	۴/۹۶	۱۸/۷۵
۱۹	۳۰۴۵	۷/۲۱	۱۳/۵۷	−۷/۲۹	−۴/۴۹	۱۵/۹۴
۲۰	۲۹۵۶	−۱۵/۶۲	۱/۵۱	۶/۹۳	۶/۳۹	۱۸/۲۱

جدول ۱۰- مقادیر مولفه‌های اصلی اول، دوم و سوم برای محیط‌های مورد استفاده در پژوهش

شماره محیط	محیط	عملکرد (kg/ha)	IPCA1	IPCA2	IPCA3	IPCA4
۱	گچساران (سال اول)	۲۹۸۵	−۵/۵۳	−۸/۸۱	−۲/۲۰	۱/۶۰
۲	گچساران (سال دوم)	۲۶۲۴	−۵/۶۷	−۱/۰۸	−۸/۰۷	۸/۴۱
۳	گنبد (سال اول)	۲۴۶۹	۰/۸۲	−۰/۵۱	۸/۳۰	۴/۵۰
۴	گنبد (سال دوم)	۲۸۶۲	−۱۴/۴۷	−۱۱/۰۵	−۱/۴۱	۸/۷۰
۵	کوهدشت (سال اول)	۳۵۷۶	۰/۰۶	۳۱/۶۱	۱۱/۹۰	−۵/۸۶
۶	کوهدشت (سال دوم)	۴۵۴۲	۲۴/۲۳	۵/۷۳	−۲۱/۲۶	۲/۳۳
۷	کوهدشت (سال سوم)	۲۱۶۹	−۲/۲۱	۳/۸۶	−۱۲/۲۰	۲/۹۹
۸	مغان (سال اول)	۲۵۸۶	−۱۰/۳۸	−۶/۳۳	−۷/۰۳	−۳۱/۰۱
۹	مغان (سال دوم)	۱۹۶۴	۲/۰۲	۰/۱۵	−۱/۰۰	۶/۳۳
۱۰	ایلام (سال اول)	۳۲۵۷	۲۴/۸۳	−۱۵/۵۴	۲۰/۳۳	−۴/۶۱
۱۱	ایلام (سال دوم)	۳۱۴۵	−۱۳/۷۱	۱/۹۶	۱۲/۶۴	۶/۶۳

جدول ۱۱- انتخاب چهار ژنوتیپ برتر به‌ترتیب اولویت در هر محیط (ترکیب سال و مکان) توسط روش امی

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

شماره محیط	نام محیط	اولین ژنوتیپ انتخابی	دومین ژنوتیپ انتخابی	سومین ژنوتیپ انتخابی	چهارمین ژنوتیپ انتخابی
۱	گچساران (سال اول)	۱٤	۸	۹	۱۵
۲	گچساران (سال دوم)	۱۵	۱٤	۹	۱۳
۳	گنبد (سال اول)	۱۹	۳	۱۳	۱
٤	گنبد (سال دوم)	۱٤	٤	۱۹	۱٦
۵	کوهدشت (سال اول)	٤	۱۹	۱٤	۲۰
٦	کوهدشت (سال دوم)	٤	۱۰	۱۷	۲۰
۷	کوهدشت (سال سوم)	۱۵	٤	۱۹	۱٤
۸	مغان (سال اول)	۱٤	۱۲	۱۳	٤
۹	مغان (سال دوم)	۸	۱٤	۱۲	٤
۱۰	ایلام (سال اول)	٤	۱٤	٦	۱۸
۱۱	ایلام (سال دوم)	۱۰	٤	۱٤	۲۰

منابع

۱. صباغ‌نیا ن (۱۳۸٤) بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در عملکرد ژنوتیپ‌های عدس در شرایط دیم. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه تربیت مدرس تهران، ۱۱۲ ص.

۲. کریمی‌زاده ر، دهقانی ح، دهقان‌پور ز و صباغ‌نیا ن (۱۳۸٦) استفاده از روش AMMI برای تخمین اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در هیبریدهای زودرس ذرت، مجله نهال و بذر، ج ٤، شماره ۲۳: ٥٤٦-٥۳۱.

۳. مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم (۱۳۷۵) گزارش معرفی رقم دوروم سیمره. مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم، مراغه.

4. Allard RW and Bradshaw AD(1964) Implication of Genotype-Environment Interactions in Applied Plant Breeding. Crop Science, 4: 503-508.

5. Cornelius PL (1993) Statistical test and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. Crop Science 33:1186-1193.

6. De Vita P, Mastrangeloa AM, Matteua L, Mazzucotellib E, Virzìc N, Palumboc M, Lo Stortod M, Rizzab F and Cattivellia L (2010) Genetic improvement effects on yield stability in durum wheat genotypes grown in Italy. Field Crops Res, 119(1): 68-73.

7. Farshadfar E (2008) Incorporation of AMMI stability value and grain yield in a single non-parametric index (GSI) in bread wheat. Pak. J. Biol. Sci., 11: 1791-1796.

8. Farshadfar E and Sutka J (2006) Biplot analysis of genotype-environment interaction in durum wheat using the AMMI model. Acta Agronomica Hungarica, 54(4): 459-467.

9. Finlay KW and Wilkinson GN (1963) The Analysis of Adaptation in a Plant Breeding Program. Australian Journal of Agriculture Research, 14: 742-754.

10. Gauch HG (1988) Model Selection and Validation for Yield Trials with Interaction. Biometrics, 44: 705-715.

11. Gauch HG (1990) Full and Reduced Models for Yield Trials. Theoritical Applyed Genetic, 80: 153-163.

12. Gauch HG (1992) Statistical Analysis of Regional Yield Trials: AMMI Analysis of Factorial Designs. Elsevier, Netherlands, Amsterdam, 256 pp.

13. Genstat. 2008. Genstat Release 11. VSN International Ltd, Waterhouse, Waterhouse Street, Hemel Hempstead, Hertfordshire HP1 1ES, UK.

14. Gollob HF (1968) A Statistical Model Which Combines Fiatures of Factor Analytic and Analysis of Variance Techniques. Psycometrika, 33: 367-376.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]

15. Huhn M and Truberg B (2002) Contribution to the Analysis of Genotype × Environment Interactions: Theoretical Results of the Application and Comparison of Clustering Techniques for the Stratification of Field Test Sites. Agronomy and Crop Science, 188: 65-72.
16. ICARDA (2008) Cereal Program, Annual Report for 2008. International Center for Agricultural Research in Dry Areas, Aleppo, Syria.
17. Johnson RA and Wichern DW (1988) Applied Multivariate Statistical Analysis. Prentice Hall, New Jersey, U.S.A.
18. Lin CS (1982) Grouping Genotypes by a Cluster Method Directly Related to Genotype-Environment Interaction Mean Square. Theoritical Applyed Genetic, 62: 277-280.
19. Lin CS, Binns MR and Lefcovitch LP (1986) Stability Analysis: Where Do We Stand? Crop Science, 26: 894-900.
20. Lin CS and Thompson B (1975) An Empirical Method of Grouping Genotypes Based on a Linear Function of the Genotype-Environment Interaction. Heredity, 34: 255-263.
21. Lin CS and Butler G (1990) Cluster Analysis for Analyzing Two Way Classification Data. Agronomy Journal, 82: 344-348.
22. Lin, CS and Binns, M.R., 1988. A method of analyzing cultivar× location× year experiments: A new stability parameter. Theor. Appl. Genet. 75: 425-430.
23. Mohammadi R, Armion M, Shabani A and Daryaei A (2007). Identification of stability and adaptability in advanced durum wheat genotypes using AMMI analysis. Asian J. Plant Sci, 6: 1261-1268.
24. Mohammadi R, Haghparast R, Amri A and Ceccarelli S (2010) Yield stability of rainfed durum wheat and GGE biplot analysis of multi-environment trials. Crop & Pasture Science, 61: 92–101
25. Purchase JL (1997) Parametric Analysis to Describe Genotype × Environment Interaction and Yield Stability in Winter Wheat. Ph.D. Thesis, Department of Agronomy, Faculty of Agriculture of the University of the Free State, Bloemfontein, South Africa.
26. Timothy G, Rajaram S, Ginkel MV, Trethowan R, Braun HJ and Cassaday K (2005) New Wheats for a Secure Sustainble Future. http://www.CIMMYT.org /rainfed programe/ Publication.
27. Truberg B and Huhn M (2000) Contribution to the Analysis of Genotype by Environment Interactions: Comparison of Different Parametric and Nonparametric Tests for Interactions with Emphasis on Crossover Interactions. Agronomy and Crop Science, 185: 267-274.
28. Wheat Program (2003) ICARDA-CIMMYT Wheat Improvement Program (ICWIP) for Central and West Asia and North Africa (CWANA). Project 2.
29. Zobel RW and Gauch HG (1988) Statistical analysis of a yield trial. Agronomy Journal, 80: 388-393.
30. Yan, W., and M.S. Kang. 2003. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-09]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1390.6.2.4.4]