

## کاربرد روش‌های تجزیه خوش‌های و امی در تعیین پایداری عملکرد

### دانه ژنوتیپ‌های گندم دوروم در مناطق دیم نیمه گرمسیر ایران

رحمت‌الله کریمی‌زاده<sup>\*</sup>، محتشم محمدی<sup>۱</sup>، محسن شیخ‌ممو<sup>۲</sup>، وحید باوی<sup>۳</sup>،  
طهماسب حسین‌پور<sup>۴</sup>، حسن خانزاده<sup>۵</sup>، حسن قوچق<sup>۶</sup>، محمد آرمیون<sup>۷</sup>

۱، ۲، ۳-۴- به ترتیب مرتبی پژوهش، استادیار و کارشناسان ارشد مؤسسه تحقیقات کشاورزی  
دیم کشور، ایستگاه تحقیقات کشاورزی گچساران، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع  
طبیعی کهگیلویه و بویراحمد

- ۵- مرتبی پژوهش مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی لرستان
- ۶- مرتبی پژوهش مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی مغان
- ۷- مرتبی پژوهش مراکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی گلستان
- ۸- مرتبی 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 ۱۳۸۳-۸۴ به همراه رقم شاهد سیمره به مدت سه سال زراعی (۱۳۸۷) در مناطق گچساران، گنبد، کوهدهشت، 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 بالتر و روش امی (AMMI) برای تجزیه اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده شد. در روش‌های اول و سوم تجزیه خوش‌های ژنوتیپ شماره ۱۴ 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 ۱۴ و ۴ با دارا بودن کمترین مقدادر SIPCl و همچنین میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها مشخص شدند. با توجه به نتایج بدست آمده ژنوتیپ‌های شماره ۱۴ و ۱۲ به ترتیب با میانگین عملکرد ۳۲۱۸ و ۲۹۷۰ کیلوگرم در هکتار به عنوان ژنوتیپ‌های امیدبخش معروفی انتخاب شدند. ژنوتیپ‌های ۲، ۹ و ۱۳ هم می‌توانند به عنوان والدین سازگار و برتر در طرح‌های تلاقی مورد استفاده قرار گیرند.

### واژه‌های کلیدی

پایداری،  
تجزیه خوش‌های،  
روش امی،  
روش پارامتری و ناپارامتری،  
گندم دوروم

در ارزیابی ژنوتیپ‌ها، با دقت بیشتری عمل کرده و بهترین ژنوتیپ‌ها را انتخاب کنند (۴ 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 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 تروبگ (۱۵) برای مقایسه روش‌های تجزیه خوشه‌ای دو پارامتر  $R$  و  $G$  را معرفی کردند که  $R$  میزان تشابه و  $G$  اندازه خوشه 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 دو تایی محیط‌ها تعریف کردند. با این توصیف با توسعه تجزیه خوشه‌ای محققین از این روش برای تعیین پایداری ارقام استفاده کردند (۲۰ و ۲۷). روش‌های تجزیه خوشه‌ای ارائه شده بوسیله لین و باتلر (۲۱) تفاوت‌هایی با تجزیه خوشه‌ای معمولی دارد. آنها گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها را براساس رگرسیون و تجزیه خوشه‌ای معمولی دارند. 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

## مقدمه

گندم دوروم (*Triticum turgidum*) دومین گونه زراعی مهم گندم است که تراپلوبیئد 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 (۲۶). کشورهای الجزایر، تونس، سوریه و ترکیه مهم‌ترین کشورهای تولیدکننده گندم دوروم می‌باشند (۱۶). 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 به ویژه 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 این که 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 (۱۴-۲۲ درصد و گاه تا ۲۲ درصد) می‌باشند (۲۴). 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 زمرة ارقام مشتق شده از برنامه‌های اصلاح گندم پیمیت یا پروژه مشترک سیمیت - ایکاردا (۲۸) بودند که در ۲۱ کشور واقع در غرب و شمال آفریقا مورد پذیرش کشاورزان قرار گرفته است (۲۶). پدیده اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای دانشمندان علوم ژنتیک، اصلاح‌نباتات و اصلاح‌دام دارای اهمیت ویژه‌ای است (۴). آگاهی از اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به اصلاح‌گران نباتات کمک می‌کند تا

به جز ژنتیپ‌های ۴ و ۶، هر کدام در یک گروه جداگانه قرار گرفتند<sup>(۱)</sup>.

در روش چندمتغیره اثرات اصلی جمع‌بذر و اثرات متقابل ضرب‌بذر (AMMI<sup>۱</sup>) ابتدا تجزیه واریانس معمولی بر روی داده‌های دوطوفه ژنتیپ و محیط انجام می‌شود و سپس از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA<sup>۲</sup>) اثرات متقابل محاسبه می‌شود (۱۰). برای تجزیه اثرات متقابل ژنتیپ × محیط در آزمایشات مقایسه عملکرد زوبل و گاچ<sup>(۲۹)</sup> از روش امی استفاده کردند، این مدل در واقع تغییریافته روشی بود که قبلاً توسط گلوب<sup>(۱۴)</sup> در علوم اجتماعی و علوم پایه به کار رفته بود. گاچ<sup>(۱۱)</sup> با بیان اینکه مدل امی ساختار داده‌های با ابعاد ماتریسی را به‌وسیله چند بردار مثل میانگین‌های ژنتیپ و محیط و نیز مقادیر منفرد برای مؤلفه‌های اصلی اثر متقابل به ابعاد کوچک‌تر مدل‌بندی می‌کند، مدل‌هایی را که براساس میانگین‌تیمارها بیان می‌شوند مدل‌های کامل نامید که معمولاً ناریب می‌باشند در حالی که مدل‌هایی که از  $r \times e \times g$  (ژنتیپ × محیط × تکرار) مشاهده در محاسبه استفاده می‌نمایند، مدل‌های کاہشی 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 برآورده 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 جمع‌بذر، از روش تجزیه به مقادیر منفرد (S.V.D<sup>۳</sup>) یا تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده گردد. به‌منظور تشخیص مؤلفه‌های اصلی در PCA و امی، مؤلفه‌های اصلی را در روش امی بصورت IPCA<sup>۴</sup> 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 AMMII خوانده می‌شود و اگر دو مؤلفه اصلی اول

<sup>1</sup> Additive Main effects and Multiplicative Interaction

<sup>2</sup> Principal Component Analysis

<sup>3</sup> Singular Value Decomposition

<sup>4</sup> Interaction Principal Component Analysis

و اثر متقابل ژنتیپ × محیط و ۴- مبنی بر تجزیه واریانس و میزان شباهت اثر متقابل ژنتیپ × محیط، انجام دادند. لین و باتلر (۲۱) در ابتدا ماتریس فاصله 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 ژنتیپ × محیط، جدا کردن اثرات منظم از تغییرات تصادفی است، اگر پاسخ هر ژنتیپ در یک محیط بتواند بوسیله یک خط رگرسیون برآورد گردد، پاسخ‌های غیرموازی خط رگرسیون ژنتیپ در محیط‌های مختلف بوسیله تفاوت بین مقادیر شبیه 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 ژنتیپ × محیط به دو بخش اثر غیریکنواختی و باقیمانده تقسیم کردند. اثر غیریکنواختی، شامل تغییرات تصادفی است که در صورت معنی‌دار شدن بیانگر سهم عمده 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 ۴ واریته جو شش ردیفه در ۱۷ منطقه از کانادا، مدل‌های مبنی بر رگرسیون (مدل‌های اول و دوم) را برای تجزیه خوشهای بکار بردنده و نتایج نشان داد که ۵ مکان انتخاب شده بوسیله 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 ۶ مکان کشت شده بودند، گروه‌بندی ژنتیپ‌ها را بر مبنای مدل چهارم لین و باتلر (۲۱)، یعنی بر اساس ماتریس اثر متقابل ژنتیپ × محیط انجام دادند. صباغ‌نیا (۱) در تحقیقی ۱۱ ژنتیپ عدس را در شرایط دیم با استفاده از روش‌های تجزیه خوشهای لین و باتلر (۲۱) گروه‌بندی کرد. نتایج نشان داد که ژنتیپ‌های شماره ۱، ۳، ۵، ۷ و ۱۰ در روش‌های اول و سوم در یک گروه قرار گرفتند و بقیه ژنتیپ‌ها در گروه دوم جای گرفتند. در روش‌های دوم و چهارم لین و باتلر (۲۱) تقریباً تمام ژنتیپ‌ها

ژنتیپ گندم دوروم را با استفاده از روش‌های غیرپارامتری ارزیابی کردند و دو روش جدید غیرپارامتری را برای انتخاب ژنتیپ‌های پایدار معرفی کردند. در این تحقیق با استفاده از روش‌های چندمتغیره تجزیه خوشه‌ای و امی، پایدارترین ژنتیپ 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 نرم کردن خاک با دیسک و روتویاتور 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 ژنتیپ پیشرفت‌های گندم دوروم به همراه رقم شاهد سیمره که از آزمایشات پیشرفت‌های مقایسه عملکرد (A-Test) گرینش شده بودند در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در ۴ تکرار و ۵ منطقه گچساران، گنبد، مغان، کوهدهشت و ایلام به مدت ۳ سال (۱۳۸۷-۱۳۸۴) و در کرت‌هایی به طول  $7/0^{\circ} ۳$  متر و عرض  $1/۰^{\circ} ۵$  متر بر روی ۶ خط با فاصله  $17/۵$  سانتی‌متر و تراکم بذر  $۳۰۰$  دانه در مترمربع کشت گردیدند. مشخصات جغرافیایی و میزان بارندگی سالانه مناطق مورد نظر 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 ژنتیپ‌های شرکت‌کننده در آزمایش کنترل و یادداشت گردید.

بیش از ۹۰ درصد تغییرات را توجیه کردند مدل امی<sup>۵</sup> 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 قادر محورهای IPCA می‌باشد و همان مدل تجزیه واریانس است. مدل کامل امی که دارای حداقل (E-1, G-1) محور است را با AMMIF<sup>۶</sup> نمایش می‌دهند (۱۲).

فرشادر و سوتکا (۸) با استفاده از روش امی و تجزیه گرافیکی با پلات پایداری ۲۲ ژنتیپ 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 و AMMI2 و AMMI3 توجیه شد که این میزان  $4/5$  برابر بیشتر از روش تجزیه رگرسیون خطی بود. عملکرد و پایداری ۱۵ ژنتیپ 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 ژنتیپ‌های مورد بررسی برتری قابل توجهی نسبت به سایر ژنتیپ‌ها نشان ندادند (۲۳). در تحقیقی فرشادر (۷) پایداری ۲۰ ژنتیپ گندم کشت شده در دو شرایط تنش آبی و آبیاری تکمیلی را با استفاده از آماره ارزش پایداری امی<sup>۷</sup> (ASV) برای شاخص منفرد غیرپارامتری (GSI<sup>۷</sup>) محاسبه نمود. نتایج نشان داد که ژنتیپ‌های شماره ۶ و ۱۷ با داشتن بیشترین میانگین عملکرد، به عنوان پایدارترین ژنتیپ‌ها انتخاب شدند. محمدی و همکاران (۲۴) اخیراً در تحقیقی پایداری ۲۰

<sup>۵</sup> AMMI Full

<sup>۶</sup> AMMI Stability Value

<sup>۷</sup> Genotype Stability Index

جدول ۱- خصوصیات جغرافیایی و اکولوژیکی مناطق اجرای پژوهش طی سال‌های ۱۳۸۴ تا ۱۳۸۷

گچساران	طول جغرافیایی
$۵۰^{\circ} ۵۰' N$	عرض جغرافیایی
$۳۰^{\circ} ۱۷' E$	ارتفاع از سطح دریا (متر)
۷۱۰	متوسط میزان بارندگی (میلی‌متر)
۴۵۰	میزان مواد آلی خاک (درصد)
۱	تعداد روزهای یخ‌بندان در سال (روز)
۱۵	متوسط حداکثر درجه حرارت مطلق (سانتی‌گراد)
۴۵	

جدول ۲- میزان بارندگی سالانه مناطق محل اجرای پژوهش

ایستگاه	سال زراعی	۱۳۸۶-۸۷	۱۳۸۵-۸۶	۱۳۸۴-۸۵
گچساران		۱۸۷/۵	۵۱۱/۲	۵۶۰/۷
گبد		۲۰۸	۴۵۶/۸	۳۹۱/۲
کوهدشت		۲۵۱	۶۵۸/۱	۴۳۸/۳
مغان		۲۱۱/۹	۱۷۳/۷	۱۸۲/۸
ایلام		۱۷۱/۵	۴۷۰/۳	۵۸۶

رابطه ۱ می‌تواند برای روابط چهار مدل مذکور نیز بکار رود (۲۱). درجه آزادی لازم برای تعیین آماره F در جدول ۴ نشان داده شده است که v1 درجه آزادی صورت و v2 درجه آزادی مخرج F می‌باشد. در این جدول تعداد دوره‌های خوشبندی با  $n$ ، 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 خطأ، مقدار آماره F محاسبه و با آماره F جدول مقایسه شود (جداول ۶ و ۷). بر اساس مدل‌های پیشنهادی لین و باتلر (۲۱) نقطه برش جایی انتخاب شد که آماره F محاسبه‌ای بزرگتر از F جدول باشد. تجزیه خوشهای با استفاده از نرم‌افزار S116 که توسط لین و بیزتر (۲۲) ارایه شده است، انجام گردید.

ب. روش تحلیل اثرات اصلی و اثرات متقابل ضرب‌پذیر (روش AMMI) روش امی یا<sup>۸</sup> FANOVA در واقع ترکیبی از مدل تجزیه واریانس (ANOVA) و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (P.C.A) است و مدل آن به صورت زیر است (۱۲):

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_n \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + p_{ge} + ger \quad (2)$$

در این فرمول  $Y_{ger}$  عملکرد ژنوتیپ  $g$  در محیط  $e$  در تکرار  $t$  است.  $\mu$  میانگین کل آزمایش،  $\alpha_g$  و  $\beta_e$  به ترتیب اثرات اصلی ژنوتیپ و محیط،  $\lambda_n$  مقدار منفرد برای محور مؤلفه اصلی  $n$ ،  $\gamma_{gn}$  بردار ویژه ژنوتیپ برای محور  $n$ ،  $\delta_{en}$  بردار ویژه محیط

## روش‌های مورد استفاده

الف. روش تجزیه خوشهای لین و باتلر روش‌های تجزیه خوشهای ارائه شده بوسیله 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 شباهت شیب خط رگرسیون، ۳) مبتنی بر تجزیه واریانس و میزان شباهت ژنوتیپ  $\times$  محیط و ۴) مبتنی بر تجزیه واریانس و میزان شباهت اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط، انجام دادند. لین و باتلر (۲۱) در ابتدا ماتریس فاصله 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 آماره F برای خط رگرسیون هستند، در حالی‌که این شاخص‌ها برای مدل‌های سوم و چهارم به ترتیب مربع فاصله اقلیدسی داده‌های تصحیح شده 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 دوره خوشبندی می‌تواند بصورت کلی نشان داده شود که همه چهار فرمول را شامل می‌شود.

$$d(1,2,\dots,r) = 2 \left[ \sum_{1 < i < i'}^r d(i,i') \right] / [r(r-1)] \quad (1)$$

<sup>8</sup> Generalized Additive Main effects and Multiplicative Interaction

در سال زراعی ۱۳۸۵-۸۶ در سطوح احتمال ۵ درصد و یک درصد معنی دار بود که نشان از تنوع بین ژنتیپ‌های مورد مطالعه بود. برای انجام تجزیه مرکب ابتدا آزمون یکنواختی واریانس اشتباهاست 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 ژنتیپ در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود (جدول ۳). معنی دار بودن اثر ژنتیپ نیز نشان‌دهنده تفاوت ژنتیپ‌ها از لحاظ عملکرد می‌باشد به عبارت دیگر در مکان‌ها و سال‌های مختلف، ژنتیپ‌های مورد مطالعه عملکرد متفاوتی را نشان داده‌اند. با توجه به نتایج حاصل، اثرات محیط و اثر متقابل ژنتیپ × محیط در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود. معنی دار بودن اثر محیط نشان می‌دهد که محیط‌ها از نظر عملکرد با هم اختلاف دارند. معنی دار بودن اثر متقابل ژنتیپ و محیط نیز نشان‌دهنده این است که عملکرد ژنتیپ‌ها از محیطی به محیط دیگر اختلاف دارد. با توجه به معنی دار بودن اثر متقابل ژنتیپ و محیط، در این پژوهش برای معرفی ژنتیپ یا ژنتیپ‌های پایدار از روش‌های تجزیه خوش‌های ارائه شده توسط لین و باتلر (۲۱) و امی استفاده شد.

برای محور  $\ln$  و  $pge$  مقدار باقیمانده یا نویز (Noise) و عبارت مربوط به خطاست. بخش اول مدل امی ( $\mu + \alpha_g + \beta_e$ ) یعنی بخش جمع پذیر از تجزیه واریانس معمولی استفاده می‌کند میانگین کل با اثر ژنتیپی ( $\alpha g$ ) بصورت انحراف ژنتیپ از میانگین کل و اثر محیطی ( $\beta e$ ) بصورت انحراف محیط از میانگین کل برآورد می‌شود (۱۲). بخش دوم ( $\sum_n \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en}$ ) قسمت ضرب پذیر مدل امی است که از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به منظور تجزیه اثر متقابل ژنتیپ و محیط به یک تا  $N$  مؤلفه اصلی استفاده می‌کند، اما باید توجه داشت که در روش امی، محاسبات بر روی مقادیر اثرات متقابل ژنتیپ 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) به کار برده شد:

$$ASV = \sqrt{\frac{SSIPCA_1}{SSIPCA_2} \left( \frac{IPCA_1}{IPCA_2} \right)^2 + \left( \frac{IPCA_2}{IPCA_1} \right)^2} \quad (3)$$

کلیه محاسبات آماری این پژوهش با استفاده از نرم‌افزارهای ۱۱ Genstat (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) به صورت جداگانه انجام شد (نتایج ارائه نشده است). اختلاف بین ژنتیپ‌ها در تمام آزمایش‌ها بجز ایلام

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

مدل	منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مرباعات
اول و دوم	(E) (G) اثر متقابل (G × E)	۱۰ ۱۹ ۱۹۰	۱۰۲۳۰۰۲۰** ۱۸۱۹۲۲/۹** ۶۸۶۸۷/۷۵ns
سوم و چهارم	غیریکنواختی باقیمانده خطا (e <sub>2</sub> ) اثر متقابل (G × E) خطا (e <sub>2</sub> )	۱۹ ۱۷۱ ۶۲۷ ۱۹۰ ۶۲۷	۶۵۲۵۵/۱۸** ۶۹۰۶۹/۱۴ ۱۱۱۴۱۱/۰۳ ۶۸۶۸۷/۷۵ ۱۱۱۴۱۱/۰۳

\* و \*\* به ترتیب عدم اختلاف معنی دار و معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد ns

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

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

و سوم و همچنین روش‌های دوم و چهارم مشابه بود فقط روش‌های خوش‌بندی نوع اول و دوم آورده شده است (جدول 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 خطای 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 شماره ۳ و ژنوتیپ‌های با عملکرد نسبتاً ضعیف شامل ژنوتیپ‌های شماره ۵، ۱۱ و ۱۸ تقسیم‌بندی کرد (شکل ۱).

در تجزیه واریانس مرکب به دست آمده از مدل‌های اول و دوم اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به دو بخش اثر غیریکنواختی و باقیمانده تقسیم شد (جدول ۳). منظور از غیریکنواختی همان تغییرات تصادفی است که در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار گردید، بدین معنی 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 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 به دست آمد. سایر ماتریس‌های فاصله هم از فرمول‌های جدول ۴ به دست آمدند. نتایج تجزیه رگرسیون خطی و مقادیر مجموع مربعات رگرسیون خطی انفرادی به همراه مقادیر مجموع مربعات رگرسیون خطی، باقیمانده و کل، جمع شده 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

جدول ۵ - متابیسه میانگین، رتبه زنریپهای گندم دوروم در تجزیه واریانس مرکب و رگرسیون خطی عماکرد هر زنریپ روی شاخص محیطی براساس مدل‌های

اول و دوم لین و باتلر

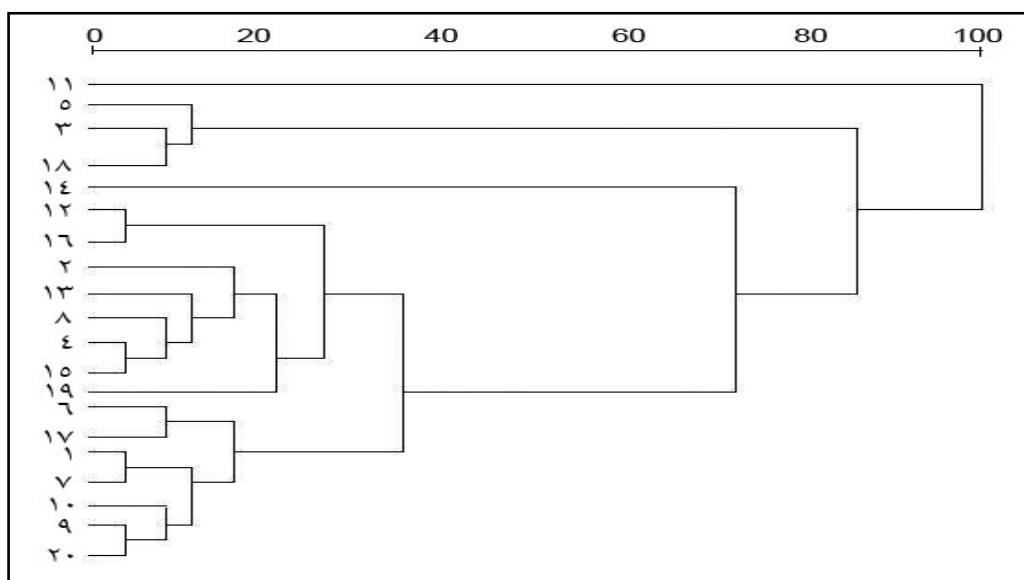
کد زنریپ شماره یا نام زنریپ

شنبه خط	SS باقیمانده	درجه آزادی	SS رگرسیون خطی	درجه آزادی	شنبه خط
۰/۹۰۱	۴۸۱۰۵۰۰	۹	۳۱۰۲۶۹۷	۱	SRN-1/KILL//2*FOLTA-1
۱/۰۵۸	۵۷۹۴۵۱۴	۹	۵۷۳۶۷۸۴	۱	GREEN-14/YAV-10/AUK
۱/۰۸۶	۶۵۸۵۶۱	۹	۶۰۳۲۷	۱	GA/2*CHEN/ALTAR84
۰/۹۹۱	۶۰۸۵۷۰	۹	۱۱۷۷۰	۱	BCR//MEMO/GOO/3STJ7
۰/۹۶	۴۸۲۳۷۶۸	۹	۲۷۳۸۷	۱	SERRATOR-1/SRN-3/AJAJA-15
۱/۰۳۰	۵۹۶۹۶۸۰	۹	۵۰۹۶۹	۱	D68-1-93A-1A//Ruff/Fg/3Mtl-5/4/Lahn
۰/۹۰۲	۴۷۲۵۸۴۹	۹	۶۱۹۳۵	۱	D68-1-93A-1A//Ruff/Fg/3Mtl-5/4/Lahn
۰/۹۷۰	۵۳۷۷۸۴	۹	۵۹۷۴۲	۱	GREEN-14/YAV-10/AUK
۰/۸۹۶	۴۳۵۴۸۸۳	۹	۳۷۷۵۸	۱	Bisu-1/CHEN-1/TEZ3/HUI//CITY1/CII
۰/۹۰۸	۴۹۴۹۸۸۲	۹	۸۰۵۰۹	۱	Bcr/3/Ch1//Gta/Stk/4/Bcr/lks4/ICD92-01_50-Cabl-11AP-0AP-
۰/۷۳۰	۳۳۳۲۵۰۳	۹	۶۷۳۷۰	۱	Gbl-1-4/D68/1/93A-1A//Ruff/Fg/3/Mtl-51 CD95-1-174-C-2AP-
۱/۱۹۲	۸۴۳۳۴۴۴	۹	۱۲۹۰۳۳	۱	OPA-2/AP-0AP
۰/۹۵۶	۵۰۰۸۲۴۳۰	۹	۴۴۲۹۷	۱	Altar84/Stn/Wdz-2/ICD92-MABL-0238-4AP-0AP-5AP-0TR-15AP-
۱/۰۲۷	۶۱۳۱۴۹۱	۹	۸۱۲۳۸	۱	0AP
۱/۰۰۸	۵۷۰۰۴۷۰	۹	۵۵۲۸۴	۱	DON-Md 81-36
۱/۱۷۵	۷۴۴۴۴۷۸	۹	۵۴۰۳۳۸	۱	Stj3//Bcr/lks4
۱/۰۵۹	۴۳۳۳۰	۹	۵۲۰۳۱۱	۱	Stj//Bcr/lks4/CD94
۱/۱۰۴	۶۳۴۰۵۰۵	۹	۷۰۶۳۴۹۲	۱	OUASERL-1 ICDF96-0758-C-2AP-0AP-5AP
۱/۱۴۴	۶۳۴۵۷۸۷	۹	۵۷۳۶۶۴۴	۱	TRE97/4/Gdo Vz512/CIT/RUFF/FG/3/ENTEMARIO//CAICD97-
۰/۸۹۸	۴۱۳۱۹۶	۹	۶۷۱۰۴	۱	1044-C-0AP-6AP-AP
-	۷۳۳۶۹۰۴	۹	۱۲۱۱۹	۱	MARSYR-6 ICD95-1127-T-0AP-9AP-0AP-7AP-0AP-5AP-AP
-	۶۶۹۷۷۹۷	۹	۱۶۰۲۰	۱	ETH-LRBRA1-1337*ALTER84 CDSP91 B931-A-1H-030Y-
-	۰۳۰M-3Y-0M-1Y-OB	۹	۱۱۳۱۹۶۹	۱	SAIMAREH
-	۴۱۸۱۷۷۸۱	۹	۷۶۱۹۹	۱	SS pooled
-	۷۶۱۹۹	۹	۷۶۱۹۹	۱	رگرسیون مشترک
-	۱۰۱۳۰۰۲۷۱	۹	۷۰		

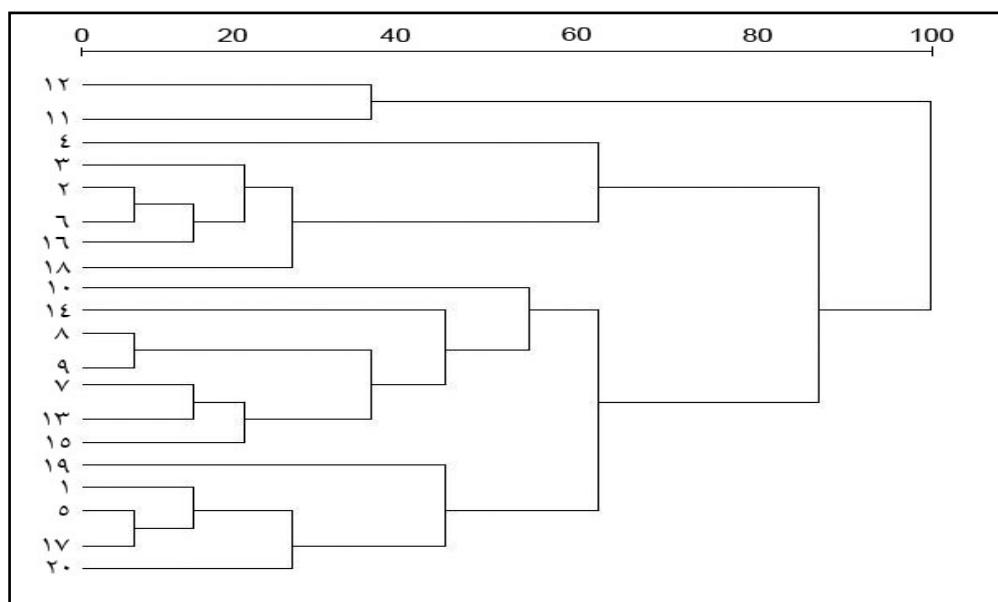
جدول ۶- محاسبه کوچکترین شاخص فاصله در هر دوره خوش‌بندی و تعیین نقطه برش برای مدل اول

دوره	گروه بندی ژنوتیپ‌های گندم دوروم	حداقل	F محسوبه شده	درجه آزادی	F جدول
		شاخص فاصله	v2	v1	
۱	(۹) و (۲۰)	۶۲/۳۴	۰/۰۰۰۹	۲	۱۷۱ ۳/۰۵
۲	(۴) و (۱۵)	۶۳۲/۳۸	۰/۰۰۹۶	۲	۱۷۱ ۳/۰۵
۳	(۱۰) و (۲۰) و (۹)	۲۰۹۹/۸۰	۰/۰۳۲۰	۴	۱۷۱ ۲/۴۲
۴	(۸) و (۱۵)	۲۴۰۳/۸۳	۰/۰۳۶۶	۴	۱۷۱ ۲/۴۲
۵	(۱) و (۷)	۲۹۳۵/۹	۰/۰۴۴۷	۲	۱۷۱ ۳/۰۵
۶	(۱۲) و (۱۶)	۳۰۹۶/۷۸	۰/۰۴۷۱	۲	۱۷۱ ۳/۰۵
۷	(۱۳) و (۱۵) و (۴) و (۱۵)	۳۳۹۶/۳۸	۰/۰۵۱۷	۶	۱۷۱ ۲/۱۵
۸	(۶) و (۱۷)	۴۹۴۰/۴۳	۰/۰۷۵۳	۲	۱۷۱ ۳/۰۵
۹	(۳) و (۱۸)	۷۷۴۴/۳۶	۰/۱۱۸۰	۲	۱۷۱ ۳/۰۵
۱۰	(۱۵) و (۱۳) و (۸) و (۳)	۱۰۳۷۸/۵۷	۰/۱۵۸۱	۸	۱۷۱ ۱/۹۹
۱۱	(۱) و (۷) و (۲۰) و (۹) و (۱۰)	۱۱۷۴۹/۳۳	۰/۱۷۹۰	۸	۱۷۱ ۱/۹۹
۱۲	(۱۹) و (۱۳) و (۸) و (۴) و (۲)	۲۶۷۰۶/۷۸	۰/۴۰۷۰	۱۰	۱۷۱ ۱/۸۹
۱۳	(۶) و (۱۷) و (۲۰) و (۱۰) و (۷) و (۱)	۳۱۴۱۰/۱۵	۰/۴۷۸۷	۱۲	۱۷۱ ۱/۸۱
۱۴	(۵) و (۳) و (۱۸)	۴۹۶۴۹/۵۴	۰/۷۵۶۶	۴	۱۷۱ ۲/۴۲
۱۵	(۱۲) و (۱۶) و (۱۵) و (۱۳) و (۸) و (۴) و (۲)	۵۳۲۵۷/۴۵	۰/۸۱۱۶	۱۴	۱۷۱ ۱/۷۵
۱۶	(۱۶) و (۱۰) و (۹) و (۷) و (۶) و (۱)	۶۹۰۸۴/۷۲	۱/۰۵۲۸	۲۸	۱۷۱ ۱/۵۵
۱۷	(۱۴) و (۲۰) و (۲۰) و (۱۶) و (۱۳) و (۱۲) و (۸) و (۴) و (۲) و (۱۷) و (۱۰) و (۷) و (۱)	۱۰۳۷۵۳/۴۰	۱/۵۸۱۲*	۳۰	۱۷۱ ۱/۵۳
۱۸	(۱۴) و (۳) و (۵) و (۱۸) و (۱۰) و (۷) و (۱)	۱۵۱۵۷۹/۵۰	۲/۳۱۰۱	۳۶	۱۷۱ ۱/۵۰
۱۹	(۱۱) و (۱۲) و (۱۸) و (۳) و (۵) و (۱۸) و (۱۰) و (۷) و (۱)	۲۱۰۰۹۳/۵۰	۳/۲۰۱۹	۳۸	۱۷۱ ۱/۴۹

\* معنی دار در سطح احتمال پنج درصد



شکل ۱ - دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای مدل اول



شکل ۲ - دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای مدل دوم

جدول ۷- محاسبه کوچکترین شاخص فاصله در هر دوره خوشه‌بندی و تعیین نقطه برش برای مدل چهارم

دوره	گروه بندی ژنوتیپ‌های گندم دوروم	حداقل شاخص فاصله F محاسبه شده	درجه آزادی F جدول	v2	v1
۱	(۶) و (۲)	۳۵۸۱۸	۰/۳۲۱۵	۱/۸۸	۶۲۷
۲	(۵) و (۱۷)	۴۴۱۶۳	۰/۳۹۶۴	۱/۸۸	۶۲۷
۳	(۷) و (۱۳)	۴۶۱۰۱	۰/۴۱۳۸	۱/۸۸	۶۲۷
۴	(۲) و (۶)	۴۸۱۵۱	۰/۴۳۲۲	۱/۶۲	۶۲۷
۵	(۸) و (۹)	۵۷۵۲۱	۰/۵۱۶۳	۱/۸۸	۶۲۷
۶	(۱۳) و (۶۰ و ۲)	۶۳۶۳۸	۰/۵۷۱۲	۱/۰۲	۶۲۷
۷	(۱۷) و (۵)	۶۷۶۱۵	۰/۶۰۷۹	۱/۶۲	۶۲۷
۸	(۷) و (۱۳)	۶۹۷۳۲	۰/۶۲۰۹	۱/۸۸	۶۲۷
۹	(۱۲) و (۱۹)	۷۱۵۰۳	۰/۶۴۱۸	۱/۸۸	۶۲۷
۱۰	(۲۰) و (۱۷ و ۵)	۸۱۷۹۸	۰/۷۳۴۲	۱/۰۲	۶۲۷
۱۱	(۸ و ۹) و (۱۳ و ۷)	۸۵۶۰۸	۰/۷۶۸۴	۱/۴۶	۶۲۷
۱۲	(۱۸) و (۲ و ۳ و ۶)	۹۰۴۹۹	۰/۸۱۲۳	۱/۴۶	۶۲۷
۱۳	(۱۴) و (۸ و ۷ و ۹ و ۱۳)	۹۳۹۵۲	۰/۸۴۲۳	۱/۴۱	۶۲۷
۱۴	(۱۹) و (۱ و ۲۰)	۱۰۶۸۸۷	۰/۹۰۹۴	۱/۴۱	۶۲۷
۱۵	(۱۵) و (۷ و ۹ و ۱۴ و ۱۳)	۱۱۲۶۶	۰/۹۹۸۷	۱/۳۹	۶۲۷
۱۶	(۱۸) و (۴) و (۲ و ۳ و ۶)	۱۱۸۷۴۱	۱/۰۶۰۸	۱/۴۱	۶۲۷
۱۷	(۱۵) و (۱۳ و ۹ و ۷ و ۶ و ۱۷)	۱۴۰۳۶۶	۱/۲۰۵۹۹	۱/۳۲	۶۲۷
۱۸	(۱۸) و (۲ و ۴ و ۶ و ۱۶)	۱۵۵۷۶۳	۱/۳۹۸۱*	۱/۲۸	۶۲۷
۱۹	(۱۱) و (۱۲) و (بقیه ژنوتیپ‌ها)	۱۶۶۱۸۰	۱/۴۹۱۶	۱/۲۶	۶۲۷

\* معنی دار در سطح احتمال پنج درصد

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 نداشتند نرم‌افزار تحت سیستم عامل ویندوز است که باعث می‌شود که دنдрوگرام‌ها با کیفیت پایینی ارایه شوند.

ب: روش تجزیه AMMI

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، ۴، ۳، 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 به عنوان ژنوتیپ پایدار انتخاب نشد و فقط ژنوتیپ شماره ۱۲ در این دو روش به عنوان پایدارترین ژنوتیپ انتخاب

ژنتیپ‌های پایدار با سازگاری عمومی بالا معرفی می‌شوند (جدول ۹). محیط‌های شماره ۳، ۵، ۷ و ۹ که به ترتیب گندم (سال اول)، کوهدهشت (سال اول)، کوهدهشت (سال سوم) و مغان (سال سوم) می‌باشند دارای کمترین مقدار (IPCA1) می‌باشند و بنابراین دارای اثر متقابل می‌باشند و محیط‌هایی هستند که به نسبت محیط‌های دیگر پایداری عملکرد بهتری داشتند ولی به غیر از محیط شماره ۵ (کوهدهشت سال سوم)، سه محیط دیگر میانگین عملکرد پایین‌تری نسبت به میانگین کل داشتند (جدول ۱۰).

نتایج براساس پارامتر ASV ژنتیپ‌های شماره ۲، ۴ و ۸ با داشتن کمترین مقادیر اثر متقابل، به ترتیب ۳/۷۶، ۳/۸۱ و ۸/۴۹ به عنوان پایدارترین ژنتیپ‌ها انتخاب شدند و ژنتیپ‌های شماره ۱۱ و ۱۸ با دارا بودن بیشترین مقادیر ASV به ترتیب ۱۹/۰۷ و ۱۸/۷۵ به عنوان ناپایدارترین ژنتیپ‌ها شناخته شدند (جدول ۹).

ژنتیپ‌های شماره ۲، ۴، ۳، ۱۲، ۸، ۷، ۴، ۳، ۱۵، ۱۴، ۱۶، ۱۸ و ۱۹ و ۱۰ دارای مقادیر IPCA1 با علامت مثبت اثر متقابل مثبت ایجاد می‌کنند و بقیه ژنتیپ‌ها و محیط‌های دارای مقادیر IPCA1 با علامت منفی، واکنش اثر متقابل منفی ایجاد می‌کنند.

از مهمترین کاربردهای روش AMMI می‌توان به تعیین سازگاری خصوصی ژنتیپ‌ها و معرفی یک یا چند ژنتیپ برای یک یا چند منطقه خاص اشاره کرد. جدول شماره ۱۱، چهار ژنتیپی 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 ژنتیپ ۱۴ و ۹ با میانگین عملکرد دانه ۳۲۱۸ و ۲۹۶۰ کیلوگرم در هکتار در مجموع دو سال انتخاب شدند. در منطقه گندم ژنتیپ شماره ۱۹ با میانگین عملکرد ۳۰۴۵ کیلوگرم در هکتار به عنوان پایدارترین و برترین ژنتیپ انتخاب شد و در منطقه کوهدهشت هم ژنتیپ شماره ۴ به عنوان برترین ژنتیپ انتخاب گردید. در منطقه مغان دو ژنتیپ شماره ۱۴ و ۱۲ به عنوان سازگارترین ژنتیپ‌ها انتخاب گردیدند و در ایلام هم دو ژنتیپ شماره ۴ و ۱۴ به عنوان سازگارترین و برترین ژنتیپ‌ها انتخاب گردیدند.

جهت انجام تجزیه امی ابتدا ماتریس انحراف حاصل از اثرات جمع‌بندی محاسبه شد و سپس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یک بار بر روی ماتریس Z برای ژنتیپ‌ها و بار دیگر بر روی ماتریس Z' برای محیط‌ها انجام شد. اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل ژنتیپ 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. معنی دار بودن F تیمار نشان‌دهنده اختلاف بین ترکیب‌های مختلف ژنتیپ و محیط بود. معنی دار بودن F مدل نیز بیانگر برآش 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 ژنتیپ و محیط و نیز اثر متقابل ژنتیپ × محیط و نیز پنج مؤلفه اصلی اثر متقابل برای آزمایش در سطح احتمال یک درصد معنی دار بودند. مجموع مربعات اثر متقابل ژنتیپ × 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 ژنتیپ × 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.

ژنتیپ‌های دارای مقادیر اولین مؤلفه اصلی (IPCA1) بزرگ (مثبت یا منفی) اثر متقابل بالایی با محیط دارند در حالی که ژنتیپ‌ها و محیط‌های دارای مقادیر اولین مؤلفه اصلی نزدیک به صفر دارای اثر متقابل پایینی هستند. بنابراین ژنتیپ‌های شماره ۲، ۴ و ۱۴ به ترتیب با ۰/۸۳، ۳/۰۵ و ۵/۷۳ دارای کمترین مقادیر IPCA1 هستند و علاوه بر این میانگین عملکرد دانه این ژنتیپ‌ها مناسب و بیشتر از میانگین کل است و بنابراین به عنوان

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).

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

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

	F	MS	SS	درجه آزادی	منابع تغییر
	-	۶۴۸۷۳۳	۵۷۰۲۳۶۵۳۸	۸۷۹	کل
** ۱۹/۴۸		۲۱۶۹۹۷۴	۴۷۵۲۲۴۲۴۲	۲۱۹	تیمار
** ۶/۵۳		۲۷۷۶۰۹	۱۳۸۲۰۵۱۹	۱۹	ژنوتیپ
** ۵۳/۶۸		۴۰۹۱۹۲۲۱	۴۰۹۱۹۲۳۰۷	۱۰	محیط
** ۶/۸۴		۷۶۲۲۳۲۰	۲۵۱۵۶۵۴۸	۳۳	بلوک
** ۲/۴۷		۲۷۴۷۷۱	۵۲۲۰۶۴۱۶	۱۹۰	اثر متقابل
** ۴/۰۷		۴۵۳۱۵۰	۱۲۶۸۸۲۰۳	۲۸	IPCA1
** ۳/۲۵		۳۶۱۸۴۶	۹۴۰۷۹۹۰	۲۶	IPCA2
** ۳/۴		۳۷۸۳۹۲	۹۰۸۱۴۱۵	۲۴	IPCA3
** ۲/۶۹		۳۰۰۰۱۰	۶۶۰۰۲۱۹	۲۲	IPCA4
** ۲/۵۴		۲۷۳۱۶۴	۵۴۶۳۲۸۸	۲۰	IPCA5
* ۱/۹۲		۲۱۳۷۵۹	۳۸۴۷۶۶۱	۱۸	IPCA6
۰/۸۸		۹۸۴۱۶	۵۱۱۷۶۴۰	۵۲	باقیمانده
	-	۱۱۱۴۱۳	۶۹۸۵۰۷۴۸	۶۲۷	خطا

\* و \*\* به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

جدول ۹- مقادیر مولفه‌های اصلی اول، دوم و سوم و پارامتر ASV برای ژنوتیپ‌های گندم دوروم

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	-۱۲/۰۹	۸/۲۰
۴	۳۰۰۷	۰/۸۴	۳/۶۸	۲۲/۲۳	-۲/۱۸	۳/۸۱
۵	۲۷۲۰	-۰/۹۰	۹/۷۵	۱/۴۰	-۱/۲۶	۱۱/۹۱
۶	۲۹۲۲	۱۰/۱۷	-۷/۴۸	۷/۸۴	۱/۱۲	۱۳/۹۸
۷	۲۹۰۳	۱/۲۰	-۱۲/۳۱	-۹/۱۳	۰/۳۹	۱۲/۳۹
۸	۳۰۲۷	۲/۰۴	-۸/۱۰	-۷/۲۸	-۱۰/۰۷	۸/۴۹
۹	۲۹۶۰	-۹/۰۷	-۷/۸۰	-۲/۳۴	-۰/۱۴	۱۳/۱۱
۱۰	۲۹۳۴	-۱۰/۷۵	-۷/۳۹	۲/۰۰	۱۰/۷۶	۱۴/۰۳
۱۱	۲۶۱۸	-۱۶/۳۹	۱/۵۳	۳/۵۶	-۱۰/۷۳	۱۹/۰۷
۱۲	۲۹۲۸	۸/۸۷	۱۵/۰۷	-۱۸/۱۰	۷/۸۷	۱۸/۶۷
۱۳	۲۹۹۹	-۷/۹۳	-۷/۷۷	-۸/۲۳	۱۰/۶۲	۱۱/۱۱
۱۴	۳۲۱۸	۵/۷۳	-۱۲/۹۲	۱/۹۳	۰/۴۸	۱۴/۰۴
۱۵	۳۰۰۷	۷/۴۵	-۸/۹۷	-۷/۸۳	-۹/۹۲	۱۲/۴۹
۱۶	۲۹۰۲	۱۲/۶۵	۳/۳۵	۲/۳۶	۷/۹۴	۱۵/۰۷
۱۷	۲۸۹۴	-۰/۲۵	۱۶/۴۶	۳/۸۹	۱/۶۸	۱۷/۰۶
۱۸	۲۷۶۶	۱۶/۰۸	۱/۷۴	۱۰/۲۲	۴/۹۶	۱۸/۷۵
۱۹	۳۰۴۵	۷/۲۱	۱۳/۰۷	-۷/۲۹	-۴/۴۹	۱۵/۹۴
۲۰	۲۹۵۶	-۱۰/۶۲	۱/۰۱	۶/۹۳	۷/۳۹	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	-۵/۰۳	-۸/۸۱	-۲/۲۰	۱/۶۰
۲	گچساران (سال دوم)	۲۶۲۴	-۵/۶۷	-۱/۰۸	-۸/۰۷	۸/۴۱
۳	گند (سال اول)	۲۴۶۹	۰/۸۲	-۰/۰۱	۸/۳۰	۴/۵۰
۴	گند (سال دوم)	۲۸۶۲	-۱۴/۴۷	-۱۱/۰۵	-۱/۴۱	۸/۷۰
۵	کوهدهشت (سال اول)	۳۵۷۶	۰/۰۶	۳۱/۶۱	۱۱/۹۰	-۵/۸۶
۶	کوهدهشت (سال دوم)	۴۵۴۲	۲۴/۲۳	۵/۷۳	-۲۱/۲۶	۲/۲۳
۷	کوهدهشت (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	۶/۲۲
۱۰	ایلام (سال اول)	۳۲۵۷	۲۴/۸۳	-۱۵/۰۴	۲۰/۳۳	-۴/۶۱
۱۱	ایلام (سال دوم)	۳۱۴۵	-۱۳/۷۱	۱/۹۶	۱۲/۶۴	۶/۶۳

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

شماره محیط	نام محیط	اولین ژنتیپ	انتخابی	دومین ژنتیپ	سومین	چهارمین
				ژنتیپ انتخابی	ژنتیپ	انتخابی
۱	گچساران (سال اول)	۱۴	۸	۹	۱۵	۱۵
۲	گچساران (سال دوم)	۱۵	۱۴	۹	۱۳	۱۳
۳	گند (سال اول)	۱۹	۳	۱۲	۱	۱
۴	گند (سال دوم)	۱۴	۴	۱۹	۱۶	۲۰
۵	کوهدهشت (سال اول)	۴	۱۹	۱۴	۲۰	۲۰
۶	کوهدهشت (سال دوم)	۴	۱۰	۱۷	۲۰	۲۰
۷	کوهدهشت (سال سوم)	۱۵	۴	۱۹	۱۴	۱۴
۸	مغان (سال اول)	۱۴	۱۲	۱۲	۱۲	۴
۹	مغان (سال دوم)	۸	۱۴	۱۲	۴	۴
۱۰	ایلام (سال اول)	۴	۱۴	۶	۱۸	۲۰
۱۱	ایلام (سال دوم)	۱۰	۴	۱۴	۱۴	۲۰

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. *Theoretical Applied 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 Features of Factor Analytic and Analysis of Variance Techniques. *Psychometrika*, 33: 367-376.

## منابع

- صباح‌نیا ن (۱۳۸۴) بررسی اثر متقابل ژنتیپ × محیط در عملکرد ژنتیپ‌های عدس در شرایط دیم. پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشگاه تربیت مدرس تهران، ۱۱۲ ص.
- کریمی‌زاده ر، دهقانی ح، دهقان‌پور ز و صباح‌نیا ن (۱۳۸۶) استفاده از روش AMMI برای تخمین اثر متقابل ژنتیپ × محیط در هیبریدهای زودرس ذرت، مجله نهال و بذر، ج ۴، شماره ۲۳: ۵۴۶-۵۳۱.
- مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم (۱۳۷۵) گزارش معرفی رقم دوروم سیمره. مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم، مراغه.
- Allard RW and Bradshaw AD (1964) Implication of Genotype-Environment Interactions in Applied Plant Breeding. *Crop Science*, 4: 503-508.
- 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.
- De Vita P, Mastrangelo AM, Matteua L, Mazzucotelli E, Virzic N, Palumboc M, Lo Storto M, Rizzab F and Cattivellia L (2010) Genetic improvement

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. *Theoretical Applied Genetic*, 62: 277-280.
19. Lin CS, Binns MR and Lefcovich 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, Armin 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, Trethewan R, Braun HJ and Cassaday K (2005) New Wheats for a Secure Sustainable Future. [http://www.CIMMYT.org/rainfed\\_programe/](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.