تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و بررسی الگوی واکنش ژنوتیپی در ارقام یولاف

قاسم محمدی نژاد و عبدالمجید رضائی[۱]

چکیده

در این پژوهش از روش امی (تجزیه توام آثار افزایشی جمع‌پذیر و آثار متقابل ضرب‌پذیر) به منظور تعیین پایداری عملکرد ۹ ژنوتیپ یولاف متشکل از ۴ رقم کانادایی و ۵ لاین اصلاحی از ترکیه به‌همراه جوماکویی به عنوان شاهد در ۶ محیط (شرایط مختلف رشد و نمو: سه تاریخ کاشت ۲۰ مهر، ۱۰ آبان و ۳۰ آبان و ۳ تراکم کاشت ۳۰۰، ۳۷۵ و ۴۵۰ بذر در متر مربع) استفاده شد. آزمایش در سال زراعی ۸۰-۱۳۷۹ در مزرعه پژوهشی دانشگاه صنعتی اصفهان واقع در لورک نجف‌آباد اجرا گردید. برای هر محیط از طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار استفاده شد.

طبق نتایج به دست آمده آثار اصلی ژنوتیپ و محیط و اثر متقابل ژنوتیپ× محیط معنی‌دار بودند و ۷۰٪ از مجموع مربعات آن توسط دو مؤلفه اصلی اول اثر متقابل (IPCI) تبیین شد. بر مبنای نمودارهای بای‌پلات اجزای ژنوتیپی و محیطی اولین و دومین مؤلفه اصلی اثر متقابل و میانگین‌های عملکرد ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، آماره‌های پایداری مدل AMMI2 یعنی SIP2 و EV_2، تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی و هم‌چنین نتایج تجزیه خوشه‌ای بر مبنای ارزش‌های ژنوتیپی و محیطی اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل، نتیجه‌گیری شد که ارقام بویر، کالیبر و لاین ۲۸ پایدارترین واکنش را داشتند که از این بین رقم بویر کمترین IPC1 را نشان داد. رقم پیسر و لاین‌های ۲ و ۱۷ ناپایدار و واجد سازگاری خصوصی با تراکم کاشت ۳۰۰ بذر در مترمربع بودند. لاین‌های ۳۲ و ۲۸ دارای سازگاری خصوصی با تاریخ کاشت اول بودند. جوماکویی و رقم پیسر نسبت به تاریخ‌های کاشت دوم و سوم و تراکم کاشت دوم سازگاری خصوصی نشان دادند.

واژه‌های کلیدی: ***اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، الگوی واکنش ژنوتیپی، تجزیه امی، یولاف***

مقدمه

پس از تولید ارقام و لاین‌های نوید بخش، تعیین درجه پایداری محیطی آنها و شناسایی ارقام سازگار با محیط‌های خاص و یا ارقام با سازگاری عمومی از اهمیت خاصی برخوردار است. از آنجایی که هنوز بین ظهور صفات و سازگاری عمومی در گیاهان مختلف ارتباط قوی پیدا نشده، مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ× محیط موثرترین روش برای شناسایی ارقام سازگار است (۳ و ۱۱). اثر متقابل ژنوتیپ× محیط هم‌بستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی و فنوتیپی را می‌کاهد و باعث کاهش سودمندی ارقام می‌گردد(۴). برای درک همه جنبه‌های مختلف این اثر متقابل، استفاده از روش‌های آماری تجزیه چند متغیره ضروری است. دلیل اصلی این است که پاسخ و واکنش

۱. به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و استاد اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

ژنوتیپ‌ها به محیط‌ها به صورت چند متغیره است. در روش‌های آماری تک متغیره سعی بر این است که این واکنش از طریق محاسبه یک شاخص پایداری نشان داده شود. در تجزیه‌های چند متغیره ویژگی‌های یک ژنوتیپ از جمله عملکرد آن درچند محیط در یک فضای چند بعدی توصیف می‌شود(۹). از روش‌های چند متغیره در سطح وسیعی در اصلاح نباتات استفاده می‌شود. به‌عنوان مثال لین (۱۲) از تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها از حیث پایداری و پرکینز(۱۳) از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به منظور شناخت ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بهره گرفته‌اند. هم‌چنین از تجزیه عامل‌ها و تجزیه الگوی(Pattern analysis) واکنش ژنوتیپی برای طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها از نظر اثر متقابل آنها با محیط‌ها استفاده شده است(۱۴).

تنوع موجود در داده‌های آزمایش‌های چند محیطی از یک الگوی ساختاری برای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط ویک باقی‌مانده یا الگوی غیر ساختاری (Nois) تشکیل شده است. . الگوهای ساختاری مربوط به واکنش قابل تفسیر ژنوتیپ‌ها در محیط ها می‌باشند و باقی‌مانده (Noise) پاسخ غیر قابل پیش‌بینی و غیر قابل تفسیر است.

روش‌های آماری بسیاری از جمله تجزیه رگرسیون ، تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای ارزیابی سازگاری ارقام در محیط‌های مختلف و برآورد آثار اصلی ژنوتیپ و محیط و اثر متقابل آنها ارائه شده‌اند. شاید روش تجزیه رگرسیون میانگین ژنوتیپ‌ها روی ارزش‌های محیطی معمول‌ترین روش در تجزیه پایداری است که توسط ییتز و کوکران(۱۵)، فینلی و ویلکینسون (۹) و ابرهارت و راسل(۷) معرفی و مورد استفاده قرارگرفته است. با این حال در بسیاری از موارد برخی از فرضیات اساسی این روش صادق نیستند، که از این بین می‌توان به واکنش غیر خطی ژنوتیپ‌ها به محیط‌ها، اختلاط آثار متقابل با آثار اصلی ژنوتیپ و محیط و بالاخره وابستگی متغیر مستقل یا شاخص محیطی به متغیر تابع (میانگین ژنوتیپ‌ها) اشاره نمود (۳).

در تجزیه واریانس عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف از یک مدل آماری جمع‌پذیر برای اثر اصلی ژنوتیپ و محیط استفاده می‌شود. اگر چه در این روش معنی داربودن یا معنی‌دار نبودن اثر متقابل ژنوتیپ و محیط مورد آزمون قرار می‌گیرد، ولی نتیجه این آزمون می‌تواند از دقت کافی برخوردار نباشد. در این روش نقش ساختاری ژنوتیپ‌ها یا محیط ها در اثر متقابل روشن نمی‌شود. از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز در مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط استفاده شده است. اشکال عمده این روش اختلاط آثار اصلی جمع‌پذیر ژنوتیپ و محیط با اثر متقابل ضرب پذیر ژنوتیپ× محیط است (۱۷).

کمپتون (۱۱) و زوبل و گوچ (۱۷) برای بهره‌گیری از هر دو مدل جمع‌پذیر (تجزیه واریانس) و ضرب‌پذیر (مؤلفه‌های اصلی) در ارزیابی پایداری ارقام روش امی[Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI)] یا مدل توام آثار اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب پذیر را ارائه نمودند. درواقع چنانچه در این روش فقط از مدل جمع پذیر استفاده شود (با نماد AMMI0 نشان داده می‌شود)، تجزیه واریانس معمول انجام شده است. در سایر موارد می‌توان یک یا چند مؤلفه اصلی را به مدل اضافه نمود که در این صورت از نمادهای AMMI1,....AMMIN استفاده می‌شود. در مدل امی آثار اصلی جمع‌پذیر ژنوتیپ و محیط با استفاده از تجزیه واریانس برآورد می‌شوند، ولی از آنجا که واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها از یک محیط به محیط دیگر باعث اثر متقابل ضرب‌پذیر می‌شود و تجزیه واریانس قادر به تجزیه این آثار نیست، با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، اثر متقابل ژنوتیپ× محیط به مؤلفه‌های اصلی توجیه‌کننده اثر متقابل و مقدار باقی‌مانده یا نویز تفکیک می‌گردد (۵).

مدل تجزیه آثار اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر (امی) ابزاری بسیار قوی در تجزیه و تفسیر ماتریس‌های بزرگ ژنوتیپ× محیط است، زیرا با نقطه‌یابی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر روی بای‌پلات(Biplot) می‌توان با استفاده از این فضای مختصاتی موقعیت ژنوتیپ‌ها را نسبت به یکدیگر و نسبت به

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

محیط‌های مورد بررسی شناسایی کرد. بدین طریق استنباط مناسب در مورد اثر متقابل ژنوتیپ× محیط فراهم می شود وانتسا ب ژنوتیپ‌هایی با سازگاری اختصاصی به محیط‌های خاص تسهیل می‌گردد (۱۸).

تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی به مدل‌هایی اطلاق می‌شود که در آنها به طور هم‌زمان از روش‌های دسته‌بندی مانند تجزیه خوشه‌ای و روش‌های برداریابی و مقیاس‌یابی مانند تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه به عامل‌ها و غیره استفاده می‌شود. در واقع از این روش به منظور نشان دادن حداکثر تغییرات ماتریس ژنوتیپ× محیط استفاده می‌گردد و درصد زیادی از تغییرات چندبعدی در ابعاد کمتری نشان داده می‌شود. بنابراین تفسیر اثر متقابل ژنوتیپ× محیط ساده‌تر می‌شود. حتی اگر در مواردی درصد کمی از اثر متقابل به‌وسیله مؤلفه‌های اصلی تبیین شود، چون روش‌های تجزیه بردارهای مشخصه باعث کاهش باقی‌مانده یا نویز می‌شوند، دقت برآوردها افزایش یافته و ارائه شکل روشن از اثر متقابل مسیر می‌گردد (۵).

زوبل و همکاران (۱۸) در ارزیابی ۷ ژنوتیپ سویا در ۳۵ محیط از چهار مدل تجزیه واریانس، تجزیه مؤلفه‌های اصلی، رگرسیون خطی و امی استفاده کردند. در روش تجزیه واریانس با وجودی‌که مجموع مربعات اثر متقابل زیاد بود، ولی به علت بالا بودن درجه آزادی، این منبع تغییر معنی‌دار نگردید. در روش مؤلفه‌های اصلی سه مؤلفه اول معنی‌دار بودند ، ولی این روش به علت اختلاط آثار اصلی و متقابل مناسب تشخیص داده نشد. در روش رگرسیون خطی فقط ۱/۹٪ از مجموع مربعات اثر متقابل توسط مدل خطی تبیین شد، ولی مدل امی در مجموع با توجیه ۹۴/۷٪ از مجموع مربعات اثر متقابل، مفیدترین روش تشخیص داده شد.

یان و هانت (۱۶) با استفاده از روش امی در تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط برای ارقام گندم زمستانه نشان دادند که مؤلفه‌های اصلی ژنوتیپی اثر متقابل به طور معنی‌داری در ارتباط با یک یا چند صفت زراعی در طی سال‌ها می‌باشند. هم‌چنین یکی از مؤلفه‌های اصلی محیطی اثر متقابل دارای هم‌بستگی منفی با نوسانات دما طی سال‌ها بود.

فتاحی و همکاران (۱) در تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی ۱۹ ژنوتیپ جو توسط مدل امی اثر متقابل معنی‌داری را برای ۶ مؤلفه اصلی اول گزارش کردند. در این بررسی به طور متوسط ۳۵/۱ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل توسط اولین مؤلفه اصلی بیان شد، که نسبت به مدل رگرسیون خطی ۷ برابر توجیه بیشتری از اثر متقابل داشت.

اینکچیاریکو (۲) برای مقایسه روش امی با روش‌های رگرسیون و واریانس پایداری در تفسیر اثر متقابل ژنوتیپ× محیط در ژنوتیپ‌های یولاف، گندم نان و ذرت از دو پارامتر در مدل امی استفاده کردند. پارامتر اول D می‌باشد که بیانگر فاصله اقلیدسی است و با فرمول زیر برآورد می‌شود.

$$D = \left[\sum (\lambda_n \xi_{in})^2\right]^{0.05} \qquad [1]$$

در این فرمول λ_n مقدار ویژه مؤلفه nام و ξ_{in} بردار ویژه ژنوتیپ است.

پارامتر دوم مدل، قدر مطلق اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل بود. در نهایت مشخص شد که مدل امی نسبت به مدل رگرسیون در تفسیر آثار متقابل ژنوتیپ× مکان مفیدتر است . هم‌چنین از بین دو پارامتر مدل امی،D تکرارپذیری بیشتری نسبت به $|IPC_1|$ نشان داد.

این پژوهش با هدف تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط(تاریخ‌ها وتراکم‌های مختلف کاشت) برای عملکرد دانه ارقام یولاف(*Avena sativa* L.) صورت گرفت، تا ضمن ارزیابی پایداری ارقام، ژنوتیپ‌های واجد سازگاری خصوصی به تاریخ و تراکم‌های متفاوت کاشت نیز شناسایی گردند. از آنجایی که متغیرهای محیطی به دو دسته عوامل قابل پیش‌بینی و غیر قابل پیش‌بینی تقسیم می‌شوند، می‌توان با اعمال مدیریت‌های مختلف زراعی مانند تاریخ و تراکم‌های مختلف کاشت و غیره به آثار تصادفی سال و مکان دست یافت (۶).

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

مواد و روش‌ها

ارزیابی پایداری ۹ ژنوتیپ یولاف شامل ۵ لاین اصلاحی دریافتی از ترکیه به شماره های ۲، ۱۷، ۲۸، ۳۲ و ۳۶ و چهار رقم دریافتی از مرکز بانک ژن گیاهی کانادا(Plant Gene Resource of Canada, Saskatoon Research Center. به نام‌های بویر(Boyer)، پیسر(Paycer)، دربای(Derby) و کالیبر(Calibre) به همراه یک رقم جو (جوماکویی) به عنوان شاهد برای مقایسه پتانسیل عملکرد و سازگاری آن با ارقام یولاف در ۶ محیط متغیر از لحاظ تاریخ یا تراکم کاشت در سال زراعی ۸۰-۱۳۷۹ در مزرعه پژوهشی دانشگاه صنعتی اصفهان واقع در لورک نجف‌آباد واقع در عرض جغرافیایی ۳۲ درجه و ۳۲ دقیقه شمالی و طول جغرافیایی ۵۱ درجه و ۳۲ دقیقه شرقی صورت گرفت. سه محیط اول را تاریخ‌های کاشت ۲۰ مهر، ۱۰ آبان و ۳۰ آبان با تراکم کاشت ۳۵۰ بذر در متر مربع و سه محیط دوم را تراکم‌های کاشت ۳۰۰، ۳۷۵ و ۴۵۰ بذر در متر مربع در تاریخ کشت ۱۲ آبان تشکیل دادند.

ژنوتیپ‌ها در هر محیط در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار ارزیابی شدند. هر کرت شامل ۴ ردیف کاشت به طول ۲ متر و فاصله ردیف ۲۰ سانتی‌متر بود. در طول دوره رشد مراقبت‌های زراعی لازم مانند آبیاری و کنترل علف‌های هزر به طور کامل اعمال گردید. عملکرد دانه با حذف اثر حاشیه برای هر کرت تعیین شد. نخست عملکرد ارقام مورد تجزیه واریانس مرکب قرار گرفت و سپس با استفاده از مدل امی آثار متقابل ژنوتیپ× محیط تجزیه و تفسیر شدند.

مدل امی به شرح زیر است (۱۸):

$$Y_{ijjk} = \mu + g_i + e_j + \sum_{n=1}^{N} \delta_n \zeta_{in} \eta_{jn} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

در این مدل Y_{ijk} عملکرد ژنوتیپ i در محیط j و در تکرار k ، μ میانگین کل، g_i اثر اصلی ژنوتیپ i (اختلاف میانگین ژنوتیپi از میانگین ژنوتیپ‌ها)، e_j اثر اصلی محیط j (اختلاف میانگین محیط j از میانگین محیط‌ها)، δ_n مقدار منفرد(Singular value) مربوط به n امین مؤلفه اصلی باقی‌مانده در مدل که برابر با جذر ریشه مشخصه مربوط به همان مؤلفه اصلی است و N تعداد مؤلفه اصلی اثر متقابل (IPC) در مدل امی است که برابر با ((e-1)، (N<min (g-1)) می‌باشد. بالاخره ξ_{in} بردار مشخصه برای i امین ژنوتیپ از n امین مؤلفه اصلی اثر متقابل IPC، η_{jn} بردار مشخصه j امین محیط از n امین مؤلفه اصلی اثر متقابل (IPC) و θ_{ij} مقدار باقی‌مانده (نویز) و ε_{ijk} عبارت مربوط به خطاست. در تجزیه واریانس مدل امی درجه آزادی مؤلفه k ام اثر متقابل از رابطه (۱-۲k)- (۱-e)+ (۱-g) به دست می‌آید، که در آن g تعداد ژنوتیپ‌ها، e تعداد محیط‌ها و k شماره مؤلفه اصلی است.

هم‌چنین دو آماره SIPC و EV از مدل امی که به شرح زیر محاسبه می‌شوند، به‌منظور ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها مورد استفاده قرار گرفتند.

$$SPIC = \sum_{n=1}^{N} \left| \lambda_n^{0.5} \xi_{in} \right| \qquad EV = \sum_{n=1}^{N} \xi_{in}^{2}$$

در مدل امی مقادیر مؤلفه‌های اصلی مربوط به ژنوتیپ‌ها با $\lambda_n^{0.5}\xi_{in}$ و مقادیر مؤلفه‌های اصلی مربوط به محیط‌ها با $\lambda_n^{0.5}\eta_{jn}$ نشان داده می‌شوند، که λ_n ریشه مربوط به n امین مؤلفه اصلی و ξ_{in} و η_{jn} بردارهای ویژه ژنوتیپی و محیطی هستند. عناصر موجود در بردارهای مشخصه ξ_{in} و η_{jn} پارامترهای اثر متقابل می‌باشند. در مدل امی در حقیقت تجزیه به مؤلفه‌های اصلی یا تجزیه به مقادیر منفرد به جای این که بر روی داده‌های خام اولیه انجام شود، روی انحرافات حاصل از آثار جمع‌پذیر انجام می‌شود.

از نمایش گرافیکی ماتریس‌ها به‌وسیله بای پلات (۱۱) به منظور تفسیر نتایج به دست آمده از یک مدل ضرب‌پذیر استفاده شد. در این بای‌پلات ردیف‌ها و ستون‌های ماتریس مشاهدات به وسیله بردارها در فضای دو بعدی نمایش داده شدند. در این شکل ، ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر روی بای پلات نقطه یابی و نمایش داده شدند. این کار موجب ساده شدن استنباط در مورد اثر متقابل ویژه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها می‌شود. این استنباط با توجه به بزرگی و علامت مقادیر مؤلفه‌های اصلی انجام می‌شود.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

در ترسیم بای پلات برای اولین مؤلفه اصلی، محور افقی مربوط به میانگین اثر اصلی (عملکرد) ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و محور عمودی مربوط به مقادیر اولین مؤلفه اصلی ژنوتیپ‌ها و محیط‌هاست. ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که تقریباً بر روی یک خط عمودی قرار می‌گیرند، دارای میانگین (اثر اصلی) مشابه هستند و ژنوتیپ‌ها یا محیط‌هایی که تقریباً بر روی یک خط افقی واقع می شوند، دارای الگوهای اثر متقابل مشابه خواهند بود. هر ژنوتیپ که از مؤلفه اصلی اثر متقابل نزدیک به صفر برخوردار باشد، دارای سازگاری عمومی به محیط‌های آزمایش است. یعنی این ژنوتیپ دارای اثر متقابل کم وجزئی است. ژنوتیپ‌ها یا محیط‌های دارای مقادیر مؤلفه‌های اصلی بزرگ (مثبت یا منفی) دارای اثر متقابل بزرگ هستند و ممکن است سازگاری خصوصی را نشان دهند.

هم‌چنین تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر مبنای مؤلفه‌های اصلی اول و دوم و آماره های پایداری مدل با روش وارد(Ward) و براساس ماتریس عدم تشابه مربع فاصله اقلیدسی صورت گرفت. در نهایت تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر مبنای مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم و آماره پایداری مدل AMMI2 انجام شد. در تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر اساس دو مؤلفه اول توجه به زاویه بین بردارهای محیطی در تفسیر مشابهت‌های محیطی ارزشمند است. زاویه حاده بین دو بردار محیطی مشخص کننده هم‌بستگی بالای دو محیط است. زاویه قائم بین دو بردار محیطی بیانگر عدم وجود هم‌بستگی در ایجاد اثر متقابل و زاویه منفرجه بین دو بردار محیطی بیانگر هم‌بستگی منفی دو محیط از لحاظ ایجاد اثر متقابل می‌باشد (۴). محاسبات آماری با نرم‌افزار SAS انجام شد.

نتایج و بحث

نتیجه آزمون بارتلت دلالت بر همگن بودن واریانس‌های خطا داشت. تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه تفاوت بسیار معنی داری را بین ژنوتیپ‌های یولاف، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ× محیط نشان داد. اختلاف بین ژنوتیپ‌ها بیشترین درصد تغییرات کل را تشکیل داد. هم‌چنین ۲۲/۳۷٪ از تغییرات کل توسط اثر متقابل ژنوتیپ× محیط تبیین شد. دهلرت و همکاران (۶) در ارزیابی عملکرد دانه ژنوتیپ‌های یولاف، گر چه آثار متقابل ژنوتیپ× محیط معنی‌داری مشاهده کردند، ولی دریافتند که میانگین مربعات آثار اصلی دو برابر میانگین مربعات آثار متقابل است.

در مجموع محیط‌ها، جوماکویی با متوسط عملکرد ۷/۳۶ تن در هکتار دارای بیشترین عملکرد بود. از بین لاین‌های اصلاحی ترکیه، لاین ۲۸ بیشترین عملکرد (۵/۹۹ تن در هکتار) را داشت. از بین ژنوتیپ‌های کانادایی، ارقام پیسر و بویر به ترتیب با متوسط ۶/۹۱ و ۵/۷۹ تن در هکتار دارای بیشترین عملکردها بودند. میانگین عملکرد دانه در محیط‌های مورد بررسی از ۶/۷۷ تن در هکتار در تاریخ کاشت اول تا ۴/۱۸ تن در هکتار در تراکم کاشت سوم متغیر بود.

نتایج تجزیه واریانس عملکرد دانه بر مبنای روش امی در جدول ۱ آورده شده است. منابع تغییر ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ× محیط و دو مؤلفه از ترکیب ۵ مؤلفه اصلی اول اثر متقابل (IPC) در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار گردیدند و سه مؤلفه دیگر با باقی‌مانده یا نویز ادغام شدند. در مدل امی سهم اولین مؤلفه از مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ× محیط ۴۳/۶۱٪ بود و دو مؤلفه اول ۷۰٪ آن را تبیین نمودند. با توجه به معنی‌دار شدن دو مؤلفه اصلی اثر متقابل در آزمون F، از مدل AMM12 استفاده شد. پارامترهای اثر متقابل ژنوتیپ× محیط در مدل AMM12 برای ژنوتیپ‌ها در جدول ۲ و برای محیط‌ها در جدول ۳ آورده شده‌اند. هم‌چنین مقادیر ریشه مشخصه و مقادیر مؤلفه‌های اصلی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها (ارزش‌های ژنوتیپی و محیطی) به ترتیب در جداول ۴ و ۵ آورده شده‌اند. از این مقادیر برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها، سنجش تغییرات محیطی و هم‌چنین انتساب ژنوتیپ‌ها به محیط‌های مختلف در نمودار بای پلات استفاده شد.

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها بر اساس مقادیر اولین مؤلفه

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

جدول ۱. تجزیه واریانس عملکرد دانه ۱۰ ژنوتیپ در ۶ محیط بر مبنای روش امی

منابع تغییر	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	F
مدل	۵۹	۱۹۲/۶۵	۳/۲۷	۷/۳۱**
ژنوتیپ	۹	۸۹/۰۸	۹/۸۹	۷/۷۳**
محیط	۵	۴۵/۸۹	۹/۱۸	۴/۱۱**
ژنوتیپ × محیط	۵۴	۵۷/۶۸	۱/۲۸	۲/۸۷**
IPCA1	۱۳	۲۵/۱۶	۱/۹۳	۴/۳۳**
IPCA2	۱۱	۱۵/۰۹	۱/۳۷	۳/۶۷**
باقی‌مانده	۲۱	۱۷/۴۳	۰/۸۳	۱/۸۱
بلوک	۱۲	۱۶/۷۵	۱/۴۰	۳/۱۲**
خطا	۱۰۸	۴۸/۲۵	۰/۴۵	–
کل	۱۷۹	۲۵۷/۶۶	–	–

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۲. پارامترهای اثرمتقابل ژنوتیپ × محیط در مدل AMMI2 برای ژنوتیپ‌ها

ژنوتیپ	ξ_1	ξ_2
لاین۲	−۰/۱۶۴	۰/۰۰۸
لاین۱۷	−۰/۱۷۶	۰/۰۸
لاین۲۸	−۰/۰۵۵	−۰/۱۷
لاین۳۲	۰/۱۲	−۰/۱۲۵
لاین۳۶	−۰/۱۱	−۰/۰۹
کالیبر	−۰/۰۴۴	−۰/۰۵۳
دربای	−۰/۱۱	−۰/۱۸۶
پیسر	−۰/۱۳۵	−۰/۱۵۲
بویر	−۰/۰۲۱	−۰/۰۰۱
جوماکویی	−۰/۱۳۲	۰/۱۹

ζ_1 و ζ_2 : به ترتیب عبارت‌اند از بردارهای ویژه ژنوتیپی برای اولین و دومین مؤلفه اصلی اثرمتقابل

جدول ۳. پارامترهای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در مدل AMMI2 برای محیط‌ها

محیط	η_1	η_2
تاریخ کاشت اول	۰/۰۹۸	−۰/۲
تاریخ کاشت دوم	−۰/۱۲	−۰/۰۱
تاریخ کاشت سوم	−۰/۱۶۶	۰/۰۶۶
تراکم کاشت اول	۰/۱۴۸	۰/۱۶۹
تراکم کاشت دوم	−۰/۰۷۹	۰/۰۱۶۵
تراکم کاشت سوم	۰/۰۹۹	−۰/۰۷۱

η_1 و η_2 : به ترتیب عبارت‌اند از بردارهای ویژه محیطی برای اولین و دومین مؤلفه اصلی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

جدول ۴. مقادیر ریشه مشخصه و مقادیر مؤلفه‌های اصلی آثار متقابل در مدل AMMI برای ژنوتیپ‌ها

ژنوتیپ	مؤلفه‌های اصلی آثار متقابل					
	IPC1	IPC2	IPC3	IPC4	IPC5	IPC6
لاین۲	۰/۸۲۴	۰/۰۳۱	۰/۴۶۲	۰/۱۷۹	−۰/۲۷۳	۰/۰۰۱
لاین۱۷	۰/۸۸۲	۰/۳۰۷	۰/۰۹۴۹	−۰/۰۴۳	۰/۳۴۲	۰/۰۰۰۰۶
لاین۲۸	۰/۲۷۵	−۰/۶۶۲	−۰/۱۸۲	۰/۶۶۶	−۰/۰۹۱	−۰/۰۰۱۹
لاین۳۲	۰/۶۱۶	−۰/۴۸۷	−۰/۶۰۹	−۰/۱۰۳	−۰/۰۴۵	۰/۰۰۳۴
لاین۳۶	−۰/۵۵۳	−۰/۳۶۰	−۰/۶۰۷	۰/۱۲۸	−۰/۰۴۲	۰/۰۰۲۲
کالیبر	۰/۲۲	−۰/۲۰۸	−۰/۷۹۵	−۰/۵۱۱	۰/۱۲	−۰/۰۰۰۰۴
دربای	−۰/۵۵	۰/۷۲۴	−۰/۳۷۸	۰/۱۴۴	۰/۰۶	۰/۰۰۰۰۱۹
پیسر	−۰/۶۷۹	−۰/۵۹۴	۰/۳۴۸	−۰/۰۳۱	۰/۲۵	۰/۰۰۰۴
بویر	−۰/۱۰۴	−۰/۰۰۴	۰/۴۳۲	−۰/۸۰۸	−۰/۳۸۵	−۰/۰۰۱۵
جوماکویی	−۰/۶۶۳	۰/۷۲۳	۰/۱۰۴	۰/۱۶۱	۰/۰۰۶۵	−۰/۰۰۰۱۷
ریشه مشخصه	۲۵/۱۵۷۸	۱۵/۰۹۸۷	۷/۷۰۵۵	۶/۲۵۹۴	۳/۴۶۸۳	۰/۰۰۰۱
درصد تجمعی واریانس مؤلفه‌ها	٪۴۴	٪۷۰	٪۸۳	٪۹۴	٪۱۰۰	پ٪۱۰۰

جدول ۵. مقادیر ریشه مشخصه و مقادیر مؤلفه‌های اصلی آثار متقابل در مدل AMMI برای محیط‌ها

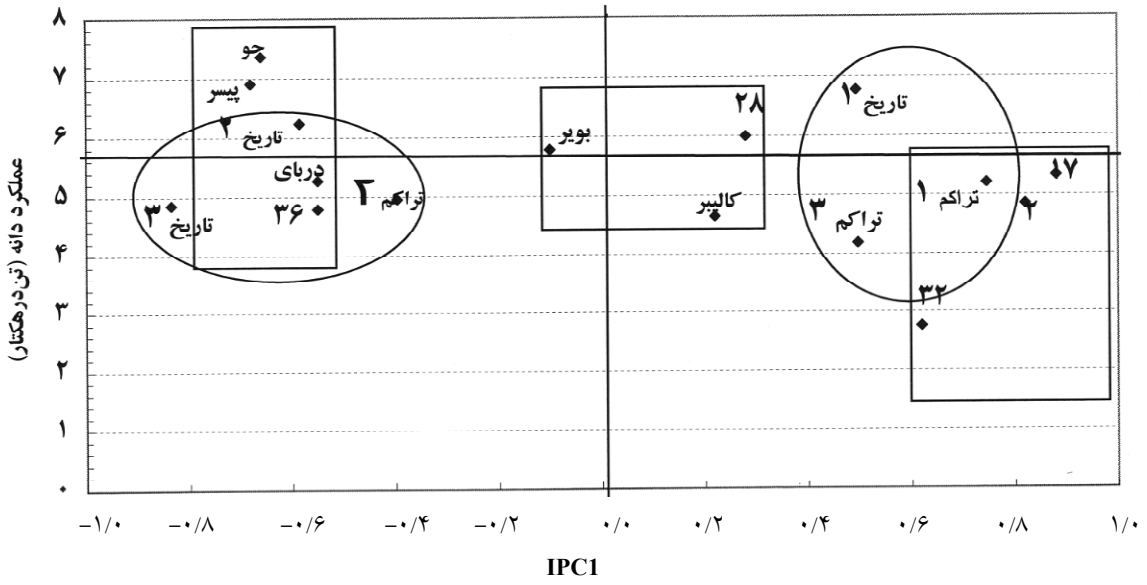
محیط	مؤلفه‌های اصلی آثار متقابل					
	IPC1	IPC2	IPC3	IPC4	IPC5	IPC6
تاریخ‌کاشت اول	۰/۴۹۴	−۰/۷۹۴	−۰/۲۸۵	−۰/۱۲۳	۰/۱۷۲	۰/۰۰۱۱
تاریخ‌کاشت دوم	−۰/۵۸۵	−۰/۰۴۴	−۰/۶۳۴	−۰/۴۹۲	۰/۱۰۵	۰/۰۰۱۳
تاریخ‌کاشت سوم	−۰/۸۳۵	۰/۲۵۹	−۰/۴۷۶	−۰/۰۷۱	−۰/۰۵۱	۰/۰۰۱
تراکم‌کاشت اول	۰/۷۴۵	۰/۶۵۶	−۰/۰۴۱	−۰/۰۵۷	۰/۰۹۴	۰/۰۰۰۹
تراکم‌کاشت دوم	−۰/۳۹۶	−۰/۰۶۴	۰/۲۹۶	۰/۸۳۶	۰/۲۲۸	۰/۰۰۱۵
تراکم‌کاشت سوم	۰/۴۹۷	−۰/۲۷۶	۰/۱۸۷	۰/۱۲۸	−۰/۷۹	۰/۰۰۱۸
ریشه مشخصه	۲۵/۱۵۷۸	۱۵/۰۹۷۸	۷/۷۰۵۶	۶/۲۵۹۳	۳/۴۶۸۲	۰/۰۰۰۱
درصد تجمعی واریانس مولفه‌ها	٪۴۴	٪۷۰	٪۸۴	٪۹۴	٪۱۰۰	٪۱۰۰

اصلی (IPC1) سه گروه را مشخص نمود. در گروه اول لاین ۳۶ و ارقام در بای، جوماکویی و پیسر قرار گرفتند که دارای مقادیر IPC1 منفی و بزرگ بودند. گروه دوم شامل لاین‌های ۲، ۱۷ و ۳۲ گردید که دارای مقادیر IPC1 مثبت و بزرگ بودند. گروه سوم لاین ۲۸ و ارقام بویر و کالیبر را شامل شد که دارای IPC1 نزدیک به صفر و بیشترین پایداری بودند. هم‌چنین تجزیه خوشه‌ای روی مقادیر اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل محیط‌ها، دو گروه عمده را مشخص نمود. در گروه اول محیط‌های تاریخ کاشت اول و تراکم‌های کاشت اول و سوم قرار گرفتند که دارای IPC1 مثبت بودند و در گروه دوم تاریخ‌های کاشت دوم و سوم و تراکم کاشت دوم با IPC1 منفی قرار گرفتند. گروه‌بندی‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر روی بای پلات شکل ۱ آورده شده‌اند.

براساس تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر مبنای IPC1 (اولین

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]



شکل ۱. بای پلات حاصل از میانگین و پارامتر پایداری IPC1 ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، اشکال چهار ضلعی و بیضی به ترتیب گروه‌بندی‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها براساس IPC1 را نشان می‌دهند. خطوط افقی و عمودی ممتد به ترتیب از نقاط میانگین عملکرد و IPC1 برابر با صفر می‌گذرند.

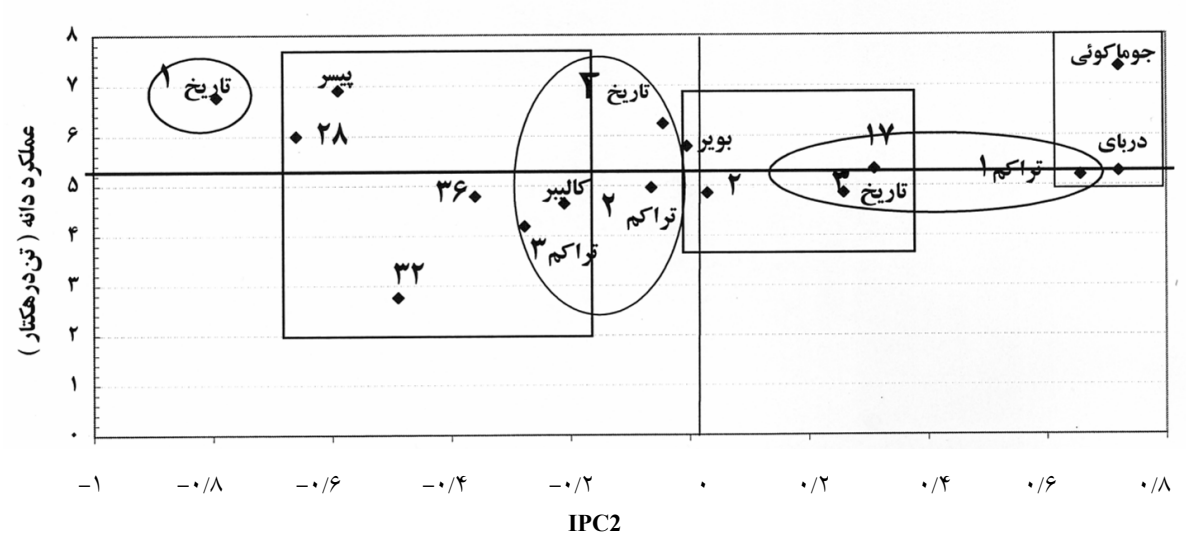
مؤلفه اصلی اثر متقابل) و میانگین مشاهده شد که ارقام بویر، کالیبر و لاین ۲۸ دارای کمترین اثر متقابل ژنوتیپ× محیط هستند و از بین این ارقام، رقم بویر با IPC1 نزدیک به صفر و عملکرد بالاتر از میانگین به عنوان پایدارترین ژنوتیپ پر محصول شناسایی شد. لاین ۲۸ و رقم کالیبر بر اساس IPC1 دارای واکنش پایداری مشابهی بودند که با توجه به عملکرد بالاتر لاین ۲۸، این لاین در رتبه دوم ژنوتیپ‌های پایدار پر محصول جای گرفت. نتایج نشان داد که محیط‌های مورد آزمایش همگی سهم بالایی در ایجاد آثار متقابل ژنوتیپ× محیط داشته‌اند. به نظر می‌رسد می توان جوماکویی و ارقام دربای و پیسر را دارای سازگاری خصوصی به شرایط محیطی حاکم بر تاریخ کاشت دوم ، لاین‌های ۲ و ۱۷ را دارای سازگاری خصوصی به تراکم کاشت اول و لاین ۳۶ را دارای سازگاری خصوصی به تراکم کاشت دوم دانست (شکل ۱).

تجزیه خوشه‌ای براساس مقادیر دومین مؤلفه اصلی اثر متقابل (IPC2)، ژنوتیپ‌ها را در سه گروه تفکیک کرد. گروه اول شامل جوماکویی و رقم دربای شد که بیشترین میزان IPC2 مثبت را داشتند. گروه دوم لاین‌های ۲ و ۱۷ و رقم بویر را در بر گرفت که دارای IPC2 نزدیک به صفر بودند. گروه سوم لاین‌های ۲۸، ۳۲ و ۳۶ و ارقام کالیبر و پیسر را شامل شد که مقادیر IPC2 منفی داشتند. هم‌چنین تجزیه خوشه‌ای محیط‌ها بر اساس دومین مؤلفه اصلی اثر متقابل، آنها را به سه گروه متمایز تقسیم کرد. در گروه اول تاریخ کاشت دوم و تراکم‌های کاشت دوم و سوم جای گرفتند، که مقدار IPC2 آنها بسیار پایین بود. در گروه دوم تاریخ کاشت اول قرار گرفت که IPC2 منفی و بالایی داشت و در گروه سوم تاریخ کاشت سوم و تراکم کاشت اول قرار گرفتند که IPC2 مثبت و بالایی داشتند. براساس این نتایج نیز رقم بویر با دارا بودن IPC2 نزدیک به صفر و عملکرد بالاتر از میانگین پایدارترین رقم تشخیص داده شد وتاریخ کاشت دوم و تراکم کاشت دوم کمترین سهم را در بیان آثار متقابل ژنوتیپ× محیط داشتند (شکل ۲).

واضح است که دلیل تفاوت دو بای‌پلات، در برداشتن سهم

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]



شکل۲. بای پلات حاصل از میانگین عملکرد دانه و IPC2 ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، اشکال چهار ضلعی و بیضی به ترتیب گروه‌بندی‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها برمبنای IPC2 را نشان می‌دهند. خطوط افقی و عمودی ممتد به ترتیب از نقاط میانگین عملکرد و IPC2 برابر با صفر می‌گذرند.

کمتر اثر متقابل توسط مؤلفه دوم نسبت به مؤلفه اول می‌باشد. با توجه به این که در این تجزیه از مدل AMM12 استفاده شد، آمارهای پایداری $SIPC_2$ و EV_2 محاسبه شدند (جدول ۶). بر مبنای هر دو آماره پایداری ارقام کالیبر و بویر بادارا بودن کمترین مقادیر، پایدارترین واکنش را داشتند و ارقام پیسر، دربای و جوماکویی و لاین ۱۷ ناپایدارترین واکنش را نشان دادند. با توجه به پایداری بیشتر رقم بویر و عملکرد بالاتر از میانگین آن، بر مبنای این دو آماره نیز رقم بویر به عنوان رقم مطلوب برگزیده شد.

شکل ۳ بای پلات مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را به‌طور توأم نشان می‌دهد. این بای‌پلات جمعاً ٪۷۰ اطلاعات مربوط به اثر متقابل را توجیه می‌کند. دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بر اساس اطلاعات بیان شده توسط مؤلفه‌های اصلی اول و دوم اثر متقابل سه گروه مجزا رانشان داد. در گروه اول که پایدارترین گروه می‌باشد، ارقام بویر، کالیبر و لاین‌های ۳۲، ۲۸، ۱۷ و ۲ قرارگرفتند. گروه دوم رقم پیسر و لاین ۳۶ با مقادیر بزرگ و منفی برای هر دو IPC را شامل شد. در گروه سوم ارقام دربای و جوماکویی با مقادیر IPC بزرگ و با علامت مخالف قرار گرفتند. گروه‌های دوم و سوم طیف ناپایدار را تشکیل دادند. بدیهی است که با توجه به این که سهم مؤلفه اصلی اول در دسته‌های مذکور بیش از سهم مؤلفه اصلی دوم است، گروه‌بندی‌های فوق‌الذکر تا حدود زیادی مشابه گروه‌بندی بر مبنای IPC1 می‌باشد.

تجزیه خوشه‌ای بر مبنای مقادیر اولین و دومین مؤلفه اصلی دو گروه محیطی را تفکیک کرد، که دقیقاً نتایج گروه‌بندی محیطی بر اساس IPC1 را تایید نمود. در نمودار تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر اساس واکنش توام دو مؤلفه اصلی اثر متقابل (شکل ۳) مشاهده شد که رقم بویر دارای بیشترین پایداری عمومی است و رقم کالیبر نیز پایداری عمومی دارد. بر این اساس ارقام دربای، ماکویی و پیسر و لاین ۳۶ آثار متقابل بالا و منفی را نشان دادند و لاین های ۱۷، ۲، ۳۲ و ۲۸ آثار متقابل بالا و مثبت را داشتند. هم‌چنین این نمودار اثر متقابل بالا را برای همه محیط‌ها نشان داد.

بر اساس نتایج به دست آمده می‌توان لاین‌های ۱۷ و ۲ را واجد سازگاری خصوصی با تراکم کاشت اول دانست و لاین‌های ۳۲ و ۲۸ را دارای سازگاری خصوصی با تاریخ کاشت اول تلقی

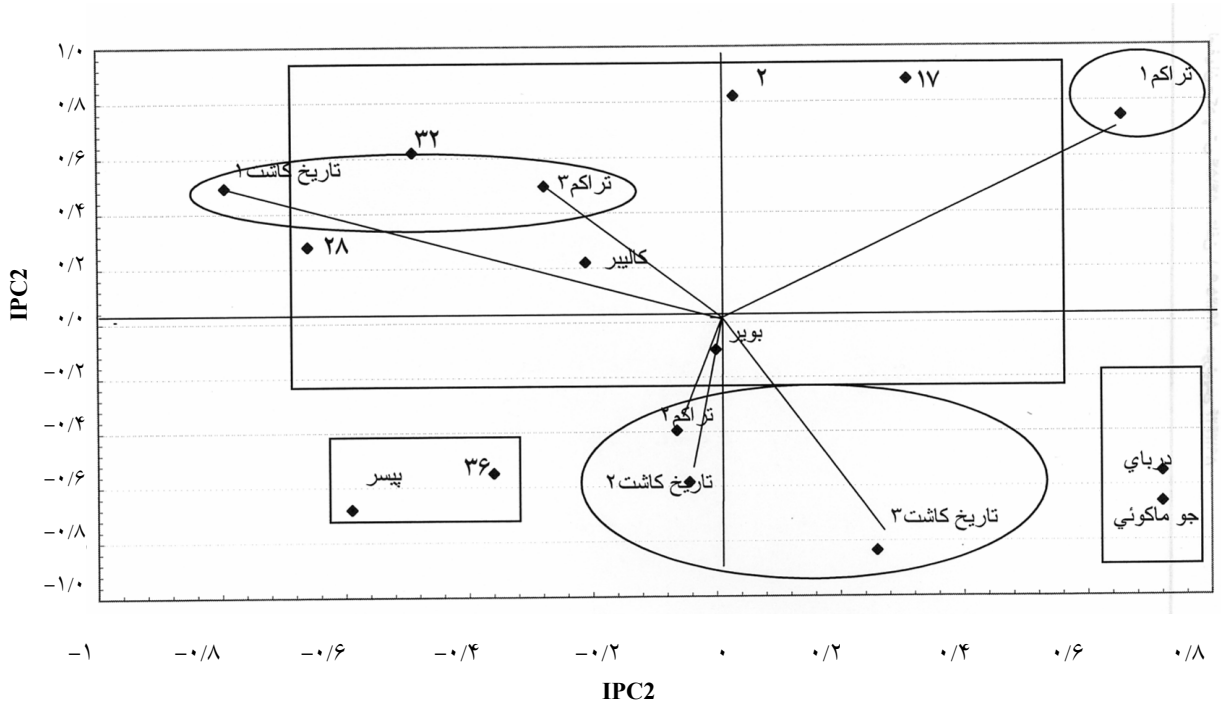
[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

جدول ۶. آماره‌های پایداری برای ژنوتیپ‌ها در مدل AMM12

ژنوتیپ	$SIPC_2$	EV_2
لاین۲	۰/۸۵۵	۰/۰۱۳۵
لاین۱۷	۱/۱۸۹	۰/۰۱۸۶
لاین۲۸	۰/۹۳۷	۰/۰۱۵۹
لاین۳۲	۱/۱۰۳	۰/۰۱۵
لاین۳۶	۰/۹۱۳	۰/۰۱
کالیبر	۰/۴۳	۰/۰۰۲
دربای	۱/۲۷۹	۰/۰۲
پیسر	۱/۲۷۳	۰/۰۲۱
بویر	۰/۱۰۸	۰/۰۰۰۲
جوماکویی	۱/۳۸۶	۰/۰۲۶۷

$SIPC_2$ و EV_2 : پارامترهای پایداری برای مدل $AMMI_2$



شکل۳. بای پلات حاصل از مقادیر IPC1 و IPC2 ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، اشکال چهار ضلعی و بیضی به ترتیب گروه‌بندی‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها برمبنای مقادیر دو مؤلفه اصلی اول را نشان می‌دهند. خطوط افقی و عمودی ممتد به ترتیب از نقاط میانگین عملکرد IPC1 و IPC2 صفر می‌گذرند.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

نمود. هم‌چنین می‌توان استنباط نمود که ارقام جوماکویی، پیسر و دربای و لاین ۳۶ نسبت به تاریخ‌های کاشت دوم و سوم و تراکم کاشت دوم دارای سازگاری خصوصی می‌باشند.

بردارهای محیطی بیانگر هم‌بستگی مثبت بین تاریخ کاشت اول و تراکم کاشت سوم، هم‌چنین تراکم کاشت دوم با تاریخ‌های کاشت دوم و سوم در بیان آثار متقابل می‌باشند. بین تراکم‌های کاشت اول و سوم و تاریخ‌های کاشت اول و دوم در بیان آثار متقابل هم‌بستگی وجود نداشت، ولی بین تراکم‌های کاشت اول و دوم هم‌بستگی منفی در بیان آثار متقابل مشاهده گردید. هم‌چنین تاریخ‌های کاشت اول و سوم هم‌بستگی منفی را در بیان آثار متقابل داشتند. مقایسه بای پلات‌های ترسیم شده برای مدل امی نشان داد که در همه نمودارهای تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی ترسیم شده بر مبنای مؤلفه‌های اصلی، رقم بویر واکنش پایداری عمومی را داشت و با دارا بودن عملکرد بیش از میانگین واجد سازگاری عمومی مطلوب می‌باشد. رقم کالیبر در رتبه دوم پایداری قرار گرفت ولی به دلیل عملکرد پایین رقمی با سازگاری عمومی ضعیف در نظر گرفته شد. تفسیرهای ارائه شده بر مبنای بای‌پلات‌های فوق به دلیل توجیه سهم‌های متفاوت هر بای‌پلات از اثر متقابل ژنوتیپ× محیط اندکی متفاوت بود. این تفاوت‌ها در بای پلات‌های ترسیم شده بر اساس IPC2 به دلیل در بر داشتن سهم کمتر اثر متقابل بیشتر بود، ولی در مجموع در همه بای پلات‌ها ارقام جوماکویی، پیسر و دربای به عنوان ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. لاین‌های ۱۷، ۲، ۳۲ و ۳۶ واکنش بین ناپایداری تا پایداری ضعیف را نشان دادند. هم‌چنین لاین ۲۸ واکنش پایداری متوسط تا ضعیف را داشت.

سپاسگزاری

بدین وسیله از سازمان مدیریت و برنامه‌ریزی استان اصفهان به خاطر هزینه اجرای این طرح(طرح شماره K۳۴۲) از محل اعتبارات طرح‌های استانی، از مرکز تحقیقات کشاورزی ساسکاچوان در کانادا برای در اختیار قرار دادن بخشی از مواد آزمایشی تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع مورد استفاده

۱. فتاحی، ف.، م. مقدم، ع. گرامی و ا. یوسفی. ۱۳۷۷. بررسی پایداری ارقام جو از طریق پارامتر اکووالانس ریک و تجزیه واکنش ژنوتیپی (Pattern analysis) توسط مدل AMMI . چکیده مقالات پنجمین کنگره علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج، صفحات ۱۵۶ – ۱۵۷.

2. Annicchiarico, P. 1997. Additive main effect and multiplicative interaction (AMMI) analysis of genotype location interaction in variety trails repeated over years. Theor. Appl Genet. 94: 1072 – 1077.
3. Basford, K. E. and M. Cooper. 1998. Genotype × environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. Aust. J. Agric. Res. 49: 153 – 74.
4. Chapman, S. C., J. Crossa and G. O. Edmeodes. 1997. Genotype by environment effects and selection for drought tolerance in tropical maize. I. Two mode pattern analysis of yield. Euphytica 95: 1 – 9.
5. Crossa, J., H. G. Gauch Jr. and R. W. Zobel. 1990. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. Crop Sci. 30: 493 – 500.
6. Dohlert, D. C., M. S. Mc Mullen and J. I. Hammond. 2001. Genotypic and environmental effects on grain yield and quality of oat grown in North Dakota. Crop Sci. 41: 1066 – 1072.
7. Eberhart, S. A. and W. A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci. 6: 36-40.
8. Fehr. W. R. 1987. Principle of Cultivar Development. Vol. 1. Mac Millan Pub., New York.
9. Finlay, K. W. and G. N. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in plant breeding programe. Aust. J. Agric. Res. 14: 742-754.
10. Helms, T. 1993. Selection for yield and stability among oat lines. Crop Sci. 33: 423 – 426.
11. Kempton, R. A. 1984. The use of biplots in interpreting variety by environment interaction. Agric. Sci. 103: 123 – 135.
12. Lin, C. S. 1982. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]

square. Theor. Appl Genet. 62: 277-280.
13. Perkinz, J. M. 1972. The principal component analysis of genotype environmental interactions and physical measures of the environment. Hered. 29: 51-70.
14. Tai, G.C.C. 1979. Analysis of genotype environment interaction of potato yield. Crop Sci. 19: 434 – 438.
15. Yates, F. and W. G. Cochran. 1956. The analysis of experiments. J. Agric. Sci. 14: 742-754.
16. Yan, W. and L. A. Hunt. 2001. Interpretation of genotype × environment interaction for winter wheat yield in Ontario. Crop Sci. 41: 19 – 25.
17. Zobel, R. W. and H. G. Gauch. 1996. AMMI analysis of yield trails. PP. 88-122. *In:* M. S. Kang and H. G. Gauch (Eds.), Genotype by Environment Interaction. CRC Pub., Boca Raton, Florida.
18. Zobel, R. W., M. J. Wright and H. G. Gauch. 1988. Statistical analysis of a yield trial. Agron. J. 80: 388 – 393.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1384.9.2.7.2]