تجزیه پایداری عملکرد در ژنوتیپ‌های نخود با استفاده از تجزیه آثار اصلی افزایشی و آثار متقابل ضرب‌پذیر (AMMI)

حسن زالی[۱*]، سید حسین صباغ‌پور[۲]، عزت‌اله فرشادفر[۱]، پیام پزشکپور[۳]، منصور صفی‌خانی[۴]، رمضان سرپرست[۵] و عبداله هاشم‌بیگی[۶]

(تاریخ دریافت: ۸۵/۸/۱۴ ؛ تاریخ پذیرش: ۸۶/۳/۳۰)

چکیده

وجود اثر متقابل ژنوتیپ × محیط موجب می‌شود که عملکرد ژنوتیپ‌ها در دامنه وسیعی از شرایط محیطی مورد ارزیابی قرار گیرد تا اطلاعات حاصل بتواند کارایی مربوط به گزینش برای معرفی آنها را افزایش دهد. در این تحقیق به منظور بررسی و انتخاب ژنوتیپ‌های پر محصول و سازگار با شرایط دیم، تعداد ۱۷ لاین و ژنوتیپ نخود در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در چهار تکرار به مدت دو سال (۸۳-۱۳۸۲) در پنج ایستگاه تحقیقات کشاورزی کرمانشاه، لرستان، گچساران، گرگان و ایلام در شرایط دیم اجرا گردید. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از مدل آثار اصلی افزایشی و اثرات متقابل ضرب پذیر (مدل AMMI) در سطح احتمال ۱٪ معنی دار بود. مجموع مربعات اثر متقابل توسط مدل AMMI به چهار مؤلفه اصلی اثر متقابل (IPCA) معنی‌دار تفکیک گردید. در مجموع چهار مؤلفه اصلی ($IPCA_1$، $IPCA_2$، $IPCA_3$ و $IPCA_4$) ۹۴٪ از تغییرات اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را توجیه می‌کردند. براساس نمودار بای پلات مدل $AMMI_2$، ژنوتیپ‌های FLIP 97-79، X95TH1 و FLIP 97-114 از پایداری مناسب برخوردار بودند و ژنوتیپ FLIP 97-114 با عملکرد بالا می‌تواند به عنوان ژنوتیپ سازگار با عملکرد پایدار معرفی شود.

واژه‌های کلیدی: نخود، اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، تجزیه پایداری، مدل آثار اصلی افزایشی و آثار متقابل ضرب‌پذیر (مدل AMMI)، بای پلات

مقدمه

حبوبات به‌خاطر ویژگی مهم تثبیت نیتروژن اتمسفری در خاک موجب حاصلخیزی خاک جهت کشت محصول بعدی که عمدتاً غلات است، می‌شود (۱) . حبوبات به ویژه نخود از منابع مهم پروتئین گیاهی بوده که دارای ۱۶ تا ۲۴ در صد پروتئین است که در غذای اکثر مردم به‌خصوص اقشار کم در آمد، مورد

۱. به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و استاد زراعت اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه رازی کرمانشاه
۲. استادیار پژوهش مؤسسه تحقیقات دیم سرارود، کرمانشاه
۳. مربی پژوهش مرکز تحقیقات دیم لرستان
۴. مربی پژوهش مرکز تحقیقات دیم گچساران
۵. مربی پژوهش مرکز تحقیقات و منابع طبیعی گرگان
۶. مربی پژوهش مرکز تحقیقات کشاورزی ایلام
* : مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: Hassanzali1382@yahoo.com

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.42.15.4]

استفاده قرار می‌گیرد (۳). ایران با سطح زیر کشت حدود ۷۰۰۰۰۰ هکتارنخود چهارمین رتبه جهان را پس از هندوستان، پاکستان و ترکیه دارا می‌باشد. ۹۵ درصد سطح زیر کشت نخود در ایران در شرایط دیم کشت می‌شود. عملکرد گیاه نخود در واحد سطح در ایران ۴۰۰ کیلوگرم در هکتار می‌باشد که نسبت به میانگین عملکرد جهانی و کشورهای مهم تولید کننده نخود، عملکرد گیاه در ایران بسیار پایین می‌باشد که عوامل مختلفی در پایین بودن عملکرد نخود مؤثرند که یکی از عوامل مهم آن را می‌توان پتانسیل تولید ارقام محلی و بومی و حساسیت به بیماری برق زدگی (Ascochyta rabie) نام برد (۳).

کامستوک و مول (۵) معتقدند که اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط باعث کاهش هم‌بستگی بین ارزش‌های فنوتیپی و ژنوتیپی و کندی پیشرفت گزینش می‌گردد. معمولاً به نژادگران به دنبال انتخاب ژنوتیپ‌هایی می‌باشند که آثار متقابل آنها در محیط‌ها کم بوده و با انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار، آثار محیط روی آنها کاهش یابد.

از آنجایی که تجزیه و تحلیل روش‌های معمول مثل استفاده از جدول‌های تجزیه واریانس مرکب فقط اطلاعاتی در مورد اثر متقابل ژنوتیپ و محیط به دست می‌دهد، محققین معیارهای متفاوتی را جهت تشخیص پایداری ارقام و معرفی آنها به کار برده‌اند (۲).

مدل AMMI ترکیبی از تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی می‌باشد. در مدل AMMI ابتدا با استفاده از تجزیه واریانس معمولی آثار اصلی ژنوتیپ‌ها و محیط برآورد می‌شوند (آثار اصلی جمع پذیر) و سپس با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط (اثرات متقابل ضرب‌پذیر) مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. بخش ضرب‌پذیر در مدل AMMI اثر متقابل بین ژنوتیپ و محیط را به یک تا N مؤلفه اصلی(PCA) تجزیه می‌نماید (۸).

شومن (۱۵) برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در آفتابگردان از روش‌های مختلف پایداری استفاده نمود و بیان داشت که مدل AMMI نه تنها پایدارترین ژنوتیپ‌ها را معرفی می‌کند، بلکه می‌تواند بیانگر سازگاری خصوصی ارقام نیز باشد. بنابراین مدل AMMI ابزار مفیدی در تشخیص اثر متقابل ژنوتیپ × محیط است. هم‌چنین مدل AMMI دقیق‌ترین برآورد از پتانسیل عملکرد حقیقی ارقام و محیط‌های خاص که ژنوتیپ‌ها در آنها ارزیابی می‌شوند را بیان می‌کند و در نهایت روش AMMI کاربردی‌ترین روش برای تجزیه پایداری می‌باشد.

البرت (۴) در بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و برای تعیین پایداری هیبریدهای ذرت روش‌های مختلف پایداری را با هم مقایسه کرد ولی در نهایت مدل AMMI را مناسب‌ترین روش برای تجزیه پایداری معرفی کرد. دلایل ایشان نیز مانند شومن (۱۵) بود.

در مدل AMMI، اساس تجزیه اثر متقابل بر پایه مقادیر مؤلفه‌های اصلی می‌باشد (۱۲) و بای پلات حاصل از تجزیه AMMI ژنوتیپ‌ها را براساس مقادیر مؤلفه‌های اصلی نشان می‌دهد. برای تفسیر بهتر یک نمودار بای پلات به نکات زیر باید توجه داشت (۱۱ و ۱۲):

۱- مرکز بای پلات، میانگین را برای هر محیط یا ژنوتیپ نشان می‌دهد.

۲- یک ژنوتیپ (یا یک محیط) با فاصله زیاد از مرکز بای پلات، دارای اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بزرگی حداقل باید یک ژنوتیپ دیگر (یا یک محیط) می‌باشد.

۳- زاویه بین بردارهایی که یک ژنوتیپ و یک محیط را به مرکز بای پلات وصل می‌کنند، نشان دهنده مثبت یا منفی بودن اثر متقابل می‌باشد.

هدف از این تحقیق بررسی سازگاری و پایداری عملکرد ژنوتیپ‌های نخود و گزینش ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد بالا در شرایط دیم می‌باشد.

مواد و روش‌ها

آزمایش در شرایط آب و هوایی دیم کشور انجام شد و در آن ۱۷ لاین نخود به همراه رقم آرمان به عنوان شاهد در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در پنج ایستگاه تحقیقات کشاورزی کرمانشاه، لرستان،گچساران،گرگان و ایلام

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.42.15.4]

جدول ۱. مشخصات ژنوتیپ‌های مورد بررسی در آزمایش

شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	منشا	شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	منشا
۱	FLIP 97-211	ایکاردا	۱۰	X95TH154	ایکاردا
۲	FLIP 97-113	ایکاردا	۱۱	FLIP 97-43	ایکاردا
۳	FLIP 97-85	ایکاردا	۱۲	FLIP 97-95	ایکاردا
۴	FLIP 97-78	ایکاردا	۱۳	FLIP 97-114	ایکاردا
۵	FLIP 97-41	ایکاردا	۱۴	X94TH45K10	ایکاردا
۶	FLIP 97-30	ایکاردا	۱۵	X95TH5K10	ایکاردا
۷	FLIP 97-102	ایکاردا	۱۶	X45TH150K10	ایکاردا
۸	FLIP 97-79	ایکاردا	۱۷	Arman	رقم معرفی شده
۹	X95TH1	ایکاردا			

و به مدت دو سال (۸۳-۱۳۸۲) ارزیابی گردید. هر ژنوتیپ در چهار ردیف ۴ متری با فاصله ۳۰ سانتی‌متر و فاصله بوته ۱۰ سانتی‌متر کشت شد. عملیات آماده سازی زمین شامل شخم و دیسک و ایجاد خطوط کشت در پاییز انجام شد و در نیمه دوم آبان هر سال کشت ارقام انجام می‌شد. جوانه زنی بذرهای نخود ۲۰ - ۱۰ روز بعد از کاشت آغاز می‌شود و تا زمانی که درجه حرارت به صفر یا زیر صفر نرسیده باشد به رشد خود ادامه می‌دهد. مقدار کود لازم طبق توصیه‌های بخش خاک و آب در هر ایستگاه و بر اساس ۲۰ کیلو گرم ازت خالص و ۳۰ کیلوگرم P_2O_5 هنگام کشت به زمین داده شد. در طول دوره رشد و نمو مراقبت‌های معمول زراعی مانند وجین علف‌های هرز در دو نوبت و مبارزه با آفت هلیوتیس (Heliothis armigera) در زمان گل دهی با سم سوین به مقدار۳ کیلو گرم در هکتار در یک نوبت، انجام گرفت. در هنگام برداشت هر کرت آزمایش پس از حذف ۲۵ سانتی‌متر از ابتدا و انتهای دو ردیف میانی، ۲/۱متر مربع از هر کرت به‌طور جداگانه برداشت گردید و محاسبات آماری روی عملکرد دانه انجام گرفت. ترکیب سال‌ها و مکان‌ها، یک محیط را تشکیل داد. بدین ترتیب علائم Ke_1 (ایستگاه کرمانشاه- سال ۸۲)، Ke_2 (ایستگاه کرمانشاه- سال ۸۳)، Kh_1 (لرستان سال۸۲)، Kh_2 (لرستان- سال ۸۳)، I_1 (ایلام- سال ۸۲)، I_2 (ایلام- سال ۸۳)، Ga_1 (گچساران- سال ۸۲)، Ga_2 (گچساران- سال ۸۳)، Go_1 (گرگان- سال ۸۲) و Go_2 (گرگان- سال ۸۳) نشانگر محیط‌هاست. مشخصات ژنوتیپ‌های مورد استفاده نیز در جدول ۱ آمده است.

در مدلAMMI تجزیه واریانس و تجزیه مؤلفه‌های اصلی به‌طور هم‌زمان انجام می‌شود. مدل تجزیه AMMI به صورت زیر است (۶، ۸ و ۱۳):

$$Y_{ger} = \mu + \sigma_g + \beta_e + \sum \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

در فرمول بالا Y_{ger} عملکرد ژنوتیپ gام در محیط eام و تکرارrام ، μ میانگین کل ، σ_g اثر اصلی ژنوتیپ (اختلاف میانگین یک ژنوتیپ از میانگین ژنوتیپ‌ها) ، β_e اثر اصلی محیط (اختلاف میانگین یک محیط از میانگین محیط‌ها) می‌باشد. λ_n یک مقدار منفرد برای محور مؤلفه اصلی nام، که برابر با مقدار ویژه (Eigen value) مربوط به همان مؤلفه اصلی است. N تعداد محورهای PCA باقی‌مانده در مدل AMMI می‌باشد. γ_{gn} بردار ویژه ژنوتیپ gام از n مؤلفه اصلی اثر متقابل (IPCA) وδ_{en} بردار ویژه محیط eام از n مؤلفه اصلی اثر متقابل، ρ_{ge} عبارت مربوط به باقی‌مانده (نویز) و ε_{ger} عبارت مربوط به خطا (درصورتی که آزمایش تکرار داشته باشد) می‌باشد.

به منظور ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها از مؤلفه‌های اصلی اول و دوم و برای ارتباط دادن ژنوتیپ‌های مختلف به محیط‌های متفاوت، از نمودارهای بای پلات استفاده شد و هم‌چنین برای بررسی دقیق‌تر ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، تجزیه کلاستر بر روی مؤلفه‌های اصلی اول و دوم انجام شد.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.42.15.4]

جدول ۲. تجزیه AMMI برای ژنوتیپ‌های نخود در محیط‌های مختلف

منابع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	درصد مجموع مربعات	میانگین مربعات
کل	۶۷۹	۴۰۶۱۹۱۱۴۱		
تیمار	۱۶۹	۳۴۱۹۶۴۷۱۰		۲۰۲۳۴۶۰**
ژنوتیپ	۱۶	۵۷۱۴۷۰۵	۱/۶۷	۳۵۷۱۶۹ns
محیط	۹	۲۷۹۱۰۵۵۱۷	۸۱/۶۲	۳۱۰۱۱۷۲۴**
محیط × ژنوتیپ	۱۴۴	۵۷۱۴۴۴۸۸	۱۶/۷۱	۳۹۶۸۳۷**
IPCA1	۲۴	۲۷۵۶۶۳۲۱	۴۸	۱۱۴۸۵۹۷**
IPCA2	۲۲	۱۶۱۲۹۵۰۴	۲۸	۷۳۳۱۵۹**
IPCA3	۲۰	۵۵۳۴۱۱۵	۱۰	۲۷۶۷۰۶**
IPCA4	۱۸	۴۴۱۷۴۶۷	۸	۲۴۵۴۱۵**
باقی‌مانده (نویز)	۶۰	۳۴۹۷۰۸۰	۶	۵۸۲۸۵ns
خطای ادغام شده	۵۱۰	۶۴۲۲۶۴۳۱		۱۲۵۹۳۴

در این تحقیق برای تجزیه AMMI از نرم افزار GENESTAT، برای رسم نمودار از نرم افزار Statistica و برای تجزیه کلاستر از نرم افزار SPSS استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس با مدل AMMI اثر معنی‌داری را برای محیط و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نشان داد (جدول۲). ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل به ترتیب ۱/۶۷، ۸۱/۶۲ و ۱۶/۷۱ ٪ از کل مجموع مربعات را توجیه می‌نمودند. اثر متقابل حدوداً ده برابر اثر ژنوتیپ می‌باشد که اهمیت نسبی اثر متقابل را نشان می‌دهد.

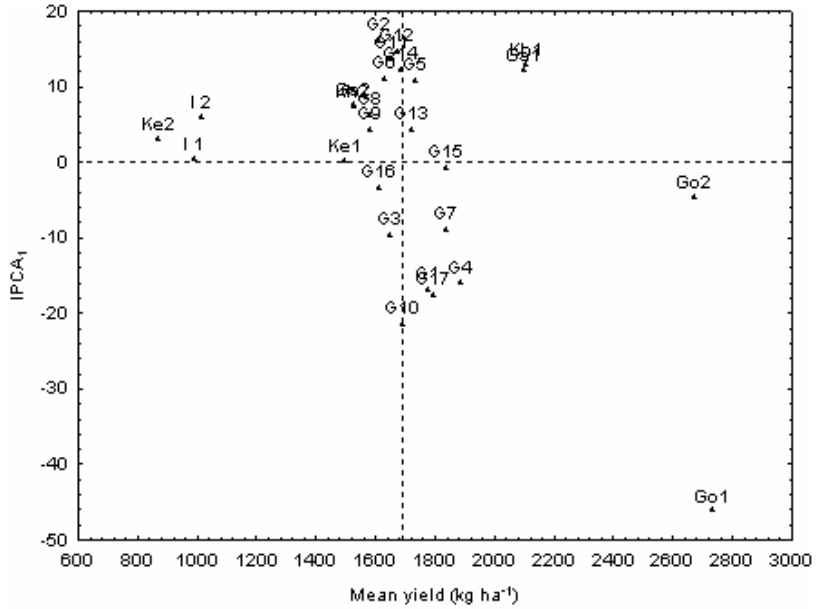
به منظور تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی ماتریس باقی‌مانده صورت گرفت که چهار مؤلفه اصلی اول در سطح احتمال ۱٪ (P<۰/۰۱) معنی‌دار شدند. اولین مؤلفه اصلی۴۸ ٪ از مجموع مربعات اثر متقابل را به خود اختصاص داد و این مقدار برای $IPCA_2$، $IPCA_3$ و $IPCA_4$ به‌ترتیب برابر با ۲۸٪، ۱۰٪ و ۸ بود. مؤلفه اصلی باقی‌مانده در مدل تنها ۶ ٪ از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه کرد. بنابراین مدل AMMI با چهار مؤلفه اصلی ($AMMI_4$) که ۹۴ ٪ از تغییرات اثر متقابل را توجیه کرد در نظر قرار گرفت (جدول ۲).

در بای پلات شکل۱ محور افقی نمایانگر اثرات اصلی جمع‌پذیر یا میانگین عملکرد دانه بر حسب کیلوگرم در هکتار و محور عمودی آثار متقابل ضربی یا مقادیر اولین مؤلفه اصلی ($IPCA_1$) یعنی ضرایب عاملی، برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به‌طور جداگانه می‌باشد. در بای پلات مذکور دو جفت از داده‌ها روی محورها نمایش داده شده‌اند. اولین جفت مربوط به میانگین عملکرد هر رقم (محور افقی) و مقادیر اولین مؤلفه اصلی هر ژنوتیپ (محور عمودی) و دومین جفت مربوط به میانگین عملکرد هر محیط (محور افقی) و مقادیر اولین مؤلفه اصلی هر محیط (محور عمودی) می‌باشد.

به منظور تجزیه واکنش ژنوتیپی (استفاده هم‌زمان از تکنیک‌های دسته‌بندی و برداریابی) (۷، ۹ و۱۷) و بررسی دقیق‌تر پایداری ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، تجزیه کلاستر براساس

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.42.15.4]



شکل ۱. بای پلات میانگین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و مقادیر اولین مؤلفه اصلی آنها (مدل $AMMI_1$)

جدول ۳. عملکرد دانه و مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم ژنوتیپ‌های نخود

کد	میانگین	$IPCA_1$	$IPCA_2$
۱	۱۷۷۴	−۱۶/۷۷۹۳۰	۴/۶۳۳۴۷
۲	۱۶۱۰	۱۶/۱۰۶۶۰	۳/۰۶۶۳۸
۳	۱۶۴۷	−۹/۶۴۸۳۸	۴/۷۷۷۳۰
۴	۱۸۸۴	−۱۵/۹۴۴۳۹	−۱۳/۱۵۲۳۱
۵	۱۷۳۴	۱۰/۹۳۱۶۴	−۶/۷۴۴۳۵
۶	۱۶۳۱	۱۱/۰۶۵۴۵	−۸/۹۹۸۸۶
۷	۱۸۳۸	−۸/۶۲۹۰	−۱۴/۵۴۶۸۰
۸	۱۵۷۹	۶/۳۸۰۲۶	۶/۳۵۷۷۵
۹	۱۵۷۹	۴/۳۹۹۴۲	−۱۰/۳۳۳۰۰
۱۰	۱۶۸۸	−۲۱/۳۹۲۲۹	۵/۱۴۱۲۵
۱۱	۱۶۵۴	۱۳/۷۶۶۳۱	۱/۷۹۳۳۳
۱۲	۱۶۷۲	۱۴/۷۰۶۲۵	۱۰/۸۱۵۷۳
۱۳	۱۷۱۸	۴/۳۵۷۷۱	−۷/۸۶۰۷۳
۱۴	۱۶۸۳	۱۲/۲۷۱۱۵۰	−۱۱/۶۴۷
۱۵	۱۸۳۵	−۰/۶۳۷۳۶	۲۶/۷۸۷۰۵
۱۶	۱۶۱۲	−۳/۲۰۸۵۶	۱۴/۵۹۷۸۷
۱۷	۱۷۹۶	−۱۷/۶۱۱۹۷	−۴/۶۵۶۶۱

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.42.15.4]

جدول۴. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها براساس اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل و مؤلفه‌های اصلی اول و دوم اثر متقابل به‌طور هم‌زمان

مؤلفه اصلی اثر متقابل	گروه	شماره ژنوتیپ‌ها یا محیط‌ها
$IPCA_{1Genotype}$	۱	۱، ۴، ۱۰ و ۱۷
	۲	۸، ۹، ۱۳، ۱۵ و ۱۶
	۳	۳ و ۷
	۴	۲، ۵، ۶، ۱۱، ۱۲ و ۱۴
$IPCA_{1Environment}$	۱	۹
	۲	۱، ۲، ۵ و ۱۰
	۳	۳، ۴، ۶، ۷ و ۸
$(IPCA_1 \& IPCA_2)_{Genotype}$	۱	۲، ۵، ۶، ۸، ۹، ۱۱، ۱۲، ۱۳ و ۱۴
	۲	۱۵ و ۱۶
	۳	۴ و ۷
	۴	۱، ۳، ۱۰ و ۱۷
$(IPCA_1 \& IPCA_2)_{Environment}$	۱	۵
	۲	۹
	۳	۱، ۲، ۳، ۴، ۶، ۷، ۸ و ۱۰

مقادیر اولین مؤلفه اصلی ژنوتیپ‌ها و هم‌چنین محیط‌ها (جدول ۴) انجام شد. تجزیه کلاستر مقادیر اولین مؤلفه اصلی برای ژنوتیپ‌ها، چهار گروه ژنوتیپی را مشخص نمود که گروه اول شامل ژنوتیپ‌های شماره ۱۰، ۴، ۱۷ و ۱ با مقادیر بالا و منفی $IPCA_1$ بودند. گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های شماره ۱۶، ۱۵، ۸، ۱۳ و ۹ که کمترین مقدار $IPCA_1$ را به خود اختصاص دادند و دو گروه بعدی مقادیر حدواسط این دو گروه را داشتند. هم‌چنین تجزیه کلاستر روی مقادیر اولین مؤلفه اصلی محیط‌ها سه گروه را مشخص نمود. گروه اول محیط ۹ با بالاترین مقدار $IPCA_1$، گروه دوم محیط‌های ۱۰، ۲، ۵ و ۱ با کمترین مقدار $IPCA_1$ و گروه سوم دارای مقادیر حدواسط می‌باشند.

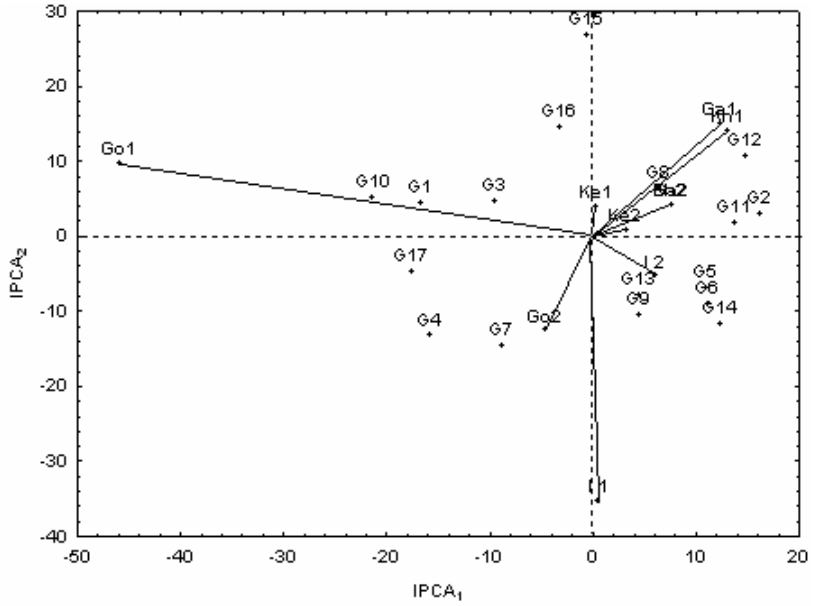
بررسی بای پلات شکل ۱ نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های شماره ۱۰، ۴، ۱۷، ۱، ۲، ۱۲، ۱۱، ۱۴، ۶ و ۵ و هم‌چنین محیط‌های Go_1، Ga_1، Kh_1، I_2، Ga_2 و دارای اثر متقابل بزرگ و بیشترین تأثیر را در ایجاد اثر متقابل دارند.

ژنوتیپ‌هایی که درمرکز بای پلات قرار گرفته‌اند، اثر متقابل نزدیک به صفر دارند و دارای پایداری عمومی بیشتری هستند، ژنوتیپ‌های شماره ۸، ۹، ۱۳، ۱۵ و ۱۶ دارای اثر متقابل کم می‌باشند، ولی ژنوتیپ‌های شماره ۱۳ و ۱۵ به علت داشتن میانگین عملکرد بالاتراز میانگین کل می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌های با پایداری مطلوب مورد توجه قرار گیرند.

معمولاً در بای پلات‌ها به منظور تشخیص بهتر از دو نوع مشخصه استفاده می‌شود و چون ژنوتیپ‌ها در ارتباط با محیط مورد ارزیابی قرار می‌گیرند، لذا محیط‌ها به صورت بردار و

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.42.15.4]



شکل ۲. بای پلات براساس مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها (مدل $AMMI_2$)

ژنوتیپ‌ها به‌صورت نقطه براساس مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم نقطه یابی شده‌اند (شکل ۲). این بای پلات ۷۶ ٪ تنوع مربوط به اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را توجیه می‌کند و سهم مؤلفه اصلی اول و دوم در تفکیک ژنوتیپ‌ها و محیط به ترتیب ۴۸ ٪ و ۲۸ ٪ است (جدول۲).

با توجه به بای پلات شکل ۲، ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۵، ۶، ۷ و ۱۴ دارای اثر متقابل منفی، بزرگ و ناپایدار بود. با توجه به این‌که ژنوتیپ‌های شماره ۴ و ۷ دارای واکنش اثر متقابل مشابه با محیط Go_2 می‌باشند، بنابراین این ارقام دارای سازگاری خصوصی با محیط مذکور و ژنوتیپ‌های شماره ۱۴، ۵ و ۶ دارای سازگاری خصوصی به محیط I_2 می‌باشند.

ژنوتیپ‌های شماره ۱۱، ۱۲، ۱۶ و ۱۷ نیز دارای اثر متقابل بزرگ و ناپایدار بوده و ژنوتیپ‌های شماره ۳ و۸ دارای اثر متقابل متوسط و جزء ارقام با پایداری متوسط محسوب می‌شوند، اما میانگین عملکرد آنها از میانگین کل پایین تر است. ژنوتیپ‌های شماره ۸، ۹ و ۱۳ دارای اثر متقابل کم هستند بنابراین دارای سازگاری عمومی بوده و ژنوتیپ ۱۳ به علت میانگین عملکرد بیشتر از میانگین کل، ژنوتیپی با سازگاری عمومی خوب شناخته می‌شود (شکل ۲).

در آزمایشی که توسط کایا و همکاران (۱۰) انجام شد، بیست رقم گندم نان در شش محیط ارزیابی و با استفاده از روش AMMI ارزیابی شدند و بهترین مدل پیش بینی، مدل $AMMI_2$ بود.

تای و بیجیگا (۱۶) برای تعیین سازگاری و پایداری عملکرد ۳۶ ژنوتیپ نخود زراعی، از مدل AMMI استفاده نمود و این روش را مدل مناسبی برای تجزیه پایداری معرفی کردند.

به طور کلی از این تحقیق می‌توان نتیجه گرفت که روش AMMI، با توجه به این‌که با چهار مؤلفه اصلی ۹۴٪ از تغییرات اثر متقابل ژنوتیپ × محیط را توجیه می‌کند، روش مناسبی برای تجزیه پایداری ژنوتیپ‌ها بوده است. در مدل $AMMI_1$ که ۴۸٪ از تغییرات اثر متقابل را توجیه می‌کند ژنوتیپ‌های شماره ۱۳ (FLIP 97- 114) و ۱۵ (X95TH5K10) ژنوتیپ‌های پایدار شناخته شدند. در مدل $AMMI_2$ ژنوتیپ شماره ۱۳ (FLIP 97- 114) به عنوان پایدارترین ژنوتیپ با عملکرد بالا شناخته شد. به‌طور کلی ژنوتیپ ۱۳(FLIP 97- 114) را می‌توان به عنوان بهترین رقم معرفی کرد و به نظر می‌رسد استفاده هم‌زمان از دو مؤلفه اصلی با توجه به این که اطلاعات کامل تری را در بر دارد، جامع‌تر است.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.42.15.4]

منابع مورد استفاده

۱. پوستینی ، ک . ۱۳۶۴. بررسی خواص کیفی و کمّی ارقام مختلف نخود در رابطه با سرما و میزان آب. پایان نامه کارشناسی ارشد زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران.

۲. روستایی، م.، د. صادق زاده اهری، ع. حسامی، ک. سلیمانی، ه . پاشاپور، ک. نادر محمودی، م. م. پور سیاه بیدی، م. مسعود احمدی، م. حسنپور حسنی و ع. عابدی اصل. ۱۳۸۲. بررسی سازگاری و پایداری عملکرد دانه ژنوتیپ‌های گندم نان در مناطق سردسیر و معتدل دیم. ۱۳۸۲. مجله نهال و بذر۱۹:(۲)۲۸۰ –۲۶۳.

۳. مجنون حسینی، ن. ۱۳۷۲. *حبوبات در ایران*. انتشارات جهاد دانشگاهی، دانشگاه تهران.

4. Albert, M. J. A. 2004. A comparison of statistical methods to describe genotype × environment interaction and yield stability in multi-location maize trials. M. Sc. Thesis. Department of Plant Sci., The University of the Free State, Bloemfontein.
5. Comstock, R. E. and R. H. Moll. 1963. Genotype – environment interaction, Symposium on statistical genetic and plant breeding. NAS-NRC Pub., USA.
6. Cornelius, P. l. 1993. Statistical tests and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. Crop Sci. 33: 1186- 1193.
7. Croosa, J., G. H. Gauch and R. W. Zobell. 1990. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of tow international maize cultivar trials. Crop Sci. 30: 493-500
8. Gauch, H. G. 1992. Statistical Analysis of Regional Trials. AMMI Analysis of Factorial Designs. Elsevier Pub. Amsterdam, Netherlands.
9. Hayward, M., D. Bosemard and L. Romagosa. 1993. Plant Breeding. Chapman and Hall, UK.
10. Kaya, Y., C. Palta and S Taner. Additive main effect and multiplicative interactions analysis of yield performances in bread wheat genotypes across environments. Turk. J. Agric. For. 26: 275-279.
11. Kempton, R. A. 1984. The use of biplot in interpreting variety by environment interaction. J. Agric. Sci. Cambridge 122: 335-342.
12. Kroonenberg, P. M. 1995. Interaction to biplots for G.E tables. Dep. of Mathematics Res. Rep. No. 51, University of Queensland Australia.
13. Richard, M. S., R.W. Zobel and H. G. Gauch. 1988. Statistical analysis of yield trial. Agron. J. 80: 388- 393.
14. Sabaghpour, S. H., E. Sadeghi and S. Malhotra. 2003. Present status and future prospects of chickpea cultivation in Iran. International Chickpea Con. J. 20-22,2003. Indira Gandhi Agricultural University, Raipur Chhattisgarh, India.
15. Schoeman, L. J. 2003. Genotype × environment interaction in sunflower *(Helianthus annuus*) in south Africa. MSc. Thesis, Department of Agronomy, University of the Free State, Bloemfontein.
16. Taye, G. G. T. and G. G. Bejiga. 2000. AMMI adjustment for yield estimate and classification on genotype and environment in field pea. J. Genet. Breed. 54: 183-191.
17. Van Eeuwijk, F. F. 1992. Multiplicative models for genotype × environment interaction in plant breeding. Stat. Appl. 4: 393-406.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.42.15.4]