Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 1, 2025 p: 25-36

OPEN ACCESS

Research Paper

Pattern Analysis of the Genotype × Environment Interaction of Seed Yield in Winter Oilseed Rape (WOSR) Mutant Lines using the AMMI Multivariate Method

Hossein Mehripour Azbarmi[1], Jalal Saba[2], Bahram Alizadeh[3], Amir Gholizadeh[4] and Farid Shekari[5]

1- Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Zanjan, Iran

2- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Zanjan, Iran (Corresponding author: jsaba49@gmail.com)

3- Professor, Department of Oil Crops Research, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

4- Assistant Professor, Department of Crop and Horticultural Science Research, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran

5- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Zanjan, Zanjan, Iran

Received: 1 June, 2024 Revised: 28 August, 2024 Accepted: 13 November, 2024

Extended Abstract

Background: Oilseeds are one of the most important sources of energy all over the world. As an important crop, rapeseed oil has high nutritional and economic value. Rapeseed is one of the most important sources of vegetable oil in the world, and its seed contains more than 40% oil. The meal obtained from oil extraction contains more than 35% protein, and currently it ranks third among oil plants after soybean and oil palm in the world. The economic yield of rapeseed can be increased by using new and high-yield varieties. Evaluating promising advanced lines of soybean under different environmental conditions is essential in identifying and selecting superior lines with high and stable yield potential. The genotype × environment interaction is a major challenge in the study of quantitative traits because it reduces yield stability in different environments, complicates the interpretation of genetic experiments, and makes predictions difficult. Therefore, it is very important to know the type and nature of the interaction effect and achieve verities that have the least role in creating interaction effects. Various methods have been introduced to evaluate the interaction effect, each of which examines the nature of the interaction effect from a specific point of view. The multivariate method of additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) is a method with suitable efficiency to investigate the genotype × environment interaction effect and provides good information about studied genotypes and environments. This study aimed to investigate the genotype × environment interaction effect using the AMMI method to evaluate genotypes, environments, and relationships between genotypes and environments. Finally, this study sought to identify stable rapeseed genotypes with high grain yields under different environmental conditions.

Methods: Nine lines and six cultivars were evaluated in a randomized complete block design with three replications in six experimental field stations (Karaj, Kermanshah, Isfahan, Hamadan, Zarghan, and Qazvin) during two cropping seasons. The genotype × environment interaction was analyzed using the AMMI method. Plants were harvested at maturity, and then the seed yield was recorded for each genotype at each test environment.

Results: Results of the combined analysis of variance (ANOVA) indicated that the effects of environments (E), genotypes (G), and the genotype × environment (G × E) interaction were significant on seed yield. The results of the ANOVA indicated that 77.56, 3.96, and 18.48% of total variation were related to the E, G, and G × E interaction effects, respectively. The results showed that the first four principal components of AMMI were significant and described 80.35% of the variance of the G × E interaction. The results showed that the average yield of the studied genotypes was in the range of 2669-3398 with a total average of 3065 $kg.ha^{-1}$. Genotypes G1 and G15 produced the lowest and highest seed yields, respectively, and the average seed yields of genotypes G3, G4, G6, G7, G8, and G9 were higher than the total average seed yield. Based on the average of sum ranks (ASR), G2, G11, G6, and G9 genotypes with the lowest ASR values were the most stable, while G10, G12, G3, and G13 genotypes with the highest ASR values were the most unstable genotypes. Among the stable genotypes, G6 and G9 were recognized as genotypes with good seed yield and general compatibility due to their

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

Copyright ©2025 Mehripour Azbarmi et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License which allows users to read, copy, distribute and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

higher average seed yields. Furthermore, the Zarghan location was recognized as the most ideal environment for distinguishing and separating rapeseed genotypes due to its high interaction. The cluster analysis classified the studied environments into three groups. The Isfahan, Hamedan, Zarghan, and Karaj locations were placed in a group in both years, indicating that these locations had high predictability and repeatability power.

Conclusion: Based on the results of the AMMI method, G6 and G9 were better than the other genotypes for seed yield and stability and showed high general adaptation to all environments. Additionally, the Zarghan location was recognized as the most ideal environment due to its high interaction for distinguishing and separating rapeseed genotypes. Generally, the results showed the efficiency of the AMMI method in investigating the G × E interaction effect and providing good information about the studied genotypes and environments.

Keywords: Additive main effects and multiplicative interaction, Genotype × environment interaction, Grain yield, Rapeseed.

How to Cite This Article: Mehripour Azbarmi, H., Saba, J., Alizadeh, B., Gholizadeh, A & Shekari, F. (2025). Pattern Analysis of the Genotype × Environment Interaction of Seed Yield in Winter Oilseed Rape (WOSR) Mutant Lines using the AMMI Multivariate Method. *J Crop Breed,* 17(1), 25-36. DOI: 10.61186/jcb.17.1.25

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

تجزیه الگوی برهمکنش ژنوتیپ × محیط برای عملکرد دانه در لاین‌های جهش‌یافته کلزای زمستانه با استفاده از روش چندمتغیره AMMI

حسین مهری‌پور ازبرمی[۱]، جلال صبا[۲]، بهرام علیزاده[۳]، امیر قلی‌زاده[۴] و فرید شکاری[۵]

۱- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران
۲- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران، (نویسنده مسوول: jsaba49@gmail.com)
۳- استاد، بخش تحقیقات دانه‌های روغنی، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۴- استادیار، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران
۵- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۳/۱۲ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۰۶/۰۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۸/۲۳
صفحه: ۲۵ تا ۳۶

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: دانه‌های روغنی از جمله مهم‌ترین منابع تأمین انرژی در سراسر جهان می‌باشند. کلزا یک محصول مهم زراعی است که روغن آن ارزش غذایی و اقتصادی بالایی دارد. کلزا یکی از مهمترین منابع روغن گیاهی در جهان به‌شمار می‌رود و دانه آن حاوی بیش از ۴۰ درصد روغن و کنجاله حاصل از روغن‌کشی آن دارای بیش از ۳۵ درصد پروتئین است و در حال حاضر در بین گیاهان روغنی بعد از سویا و نخل روغنی مکان سوم را در جهان داراست. با بهره‌گیری از ارقام جدید و پربازده، می‌توان عملکرد اقتصادی کلزا را افزایش داد. ارزیابی لاین‌های پیشرفته امیدبخش کلزا در شرایط محیطی مختلف، در شناسایی و انتخاب لاین‌های برتر با پتانسل عملکرد بالا و پایدار ضروری می‌باشد. اثر متقابل ژنوتیپ × محیط مسئله‌ای مهم در مطالعه صفات کمی می‌باشد زیرا پایداری عملکرد در محیط‌های مختلف را کاهش می‌دهد و همچنین تفسیر آزمایش‌های ژنتیکی را دشوار و پیش‌بینی‌ها را با مشکل مواجه می‌سازد. لذا شناخت نوع و ماهیت اثر متقابل و دستیابی به ارقامی که کمترین واکنش را نسبت بـه اثرات متقابل نشان دهند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. روش‌های مختلفی برای ارزیابی اثرات متقابل معرفی شده است که هریک ماهیت اثر متقابل را از دیدگاه مشخصی بررسی می‌کنند. در این میان روش تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط از روش چندمتغیره اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI) روشی با کارایی مناسب برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بوده و اطلاعات خوبی در مورد ژنوتیپ‌ها و محیط‌های مورد مطالعه در اختیار قرار می‌دهد. هدف از اجرای این مطالعه، بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از روش چندمتغیره اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر به‌منظور ارزیابی ژنوتیپ‌ها، محیط‌ها، روابط ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و در نهایت شناسایی ژنوتیپ‌های پایدار با عملکرد دانه بالا تحت شرایط محیطی مختلف در کلزا بود.

مواد و روش‌ها: تعداد ۹ لاین و ۶ رقم کلزا در شش ایستگاه تحقیقاتی (کرج، کرمانشاه، اصفهان، همدان، زرقان و قزوین) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار به‌مدت دو سال زراعی مورد ارزیابی قرار گرفتند. به‌منظور تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط از روش چندمتغیره اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI) استفاده شد. در زمان رسیدگی محصول عملکرد دانه برای هر ژنوتیپ در هر محیط اندازه‌گیری گردید.

یافته‌ها: نتایج تجزیه مرکب عملکرد دانه نشان داد که اثر محیط، اثر ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط معنی‌دار بود. نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که به ترتیب ۷۷/۵۶، ۳/۹۶ و ۱۸/۴۸ درصد از کل تغییرات مربوط به اثر محیط، اثر ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ × محیط بود. نتایج نشان داد که چهار مؤلفه اصلی مدل AMMI معنی‌دار بودند و ۸۰/۳۵ درصد از تغییرات برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند. نتایج نشان داد که میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های مورد بررسی در دامنه‌ای بین ۲۶۶۹ تا ۳۳۹۸ با میانگین کل ۳۰۶۵ کیلوگرم در هکتار بود و ژنوتیپ‌های G1 و G15 به‌ترتیب کمترین و بیشترین عملکرد دانه را تولید کردند. همچنین میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های G3، G4، G6، G7، G8 و G9 نیز از میانگین عملکرد دانه کل بیشتر بود. بر اساس پارامتر میانگین رتبه (ASR)، ژنوتیپ‌های G2، G11، G6 و G9 با کم‌ترین مقدار ASR پایدارترین و ژنوتیپ‌های G10، G12، G3 و G13 با بالاترین مقدار ASR ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. در بین ژنوتیپ‌های پایدار، ژنوتیپ‌های G6 و G9 به‌دلیل داشتن میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، به‌عنوان ژنوتیپ با عملکرد و سازگاری عمومی خوب شناخته شدند. همچنین مکان زرقان به دلیل داشتن برهمکنش بالا، به‌عنوان ایده‌آل‌ترین محیط جهت تمایز و جدا کردن ژنوتیپ‌های کلزا شناخته شد. تجزیه خوشه‌ای محیط‌های مورد مطالعه را به سه گروه تفکیک کرد. قرار گرفتن هر دو سال آزمایش مکان‌های اصفهان، همدان، زرقان و کرج در یک گروه نیز بیان‌گر قابلیت پیش‌بینی و تکرارپذیری بالای این مکان‌ها می‌باشد.

نتیجه‌گیری: بر اساس نتایج روش چندمتغیره اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI)، ژنوتیپ‌های G6 و G9 از نظر هر دو عامل پایداری و میانگین عملکرد دانه، بهتر از سایر ژنوتیپ‌ها بودند و سازگاری عمومی بالایی در همه محیط‌های مورد بررسی داشتند. همچنین نتایج نشان داد که مکان زرقان به‌دلیل داشتن برهمکنش بالا، به‌عنوان ایده‌آل‌ترین محیط جهت تمایز و جدا کردن ژنوتیپ‌های کلزا شناخته شد. به‌طور کلی نتایج نشان داد که روش چندمتغیره اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر (AMMI)، روشی با کارایی مناسب برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط بوده و اطلاعات خوبی در مورد ژنوتیپ‌ها و محیط‌های مورد مطالعه در اختیار قرار می‌دهد.

واژه‌های کلیدی: اثرات اصلی جمع‌پذیر و برهمکنش ضرب‌پذیر، برهمکنش ژنوتیپ × محیط، عملکرد دانه، کلزا

مقدمه

کلزا با نام علمی *Brassica napus* L. یکی از گیاهان روغنی است که دانه آن حاوی ۴۵-۴۲ درصد روغن و کنجاله آن حاوی ۴۰-۳۶ درصد پروتئین می‌باشد. روغن کلزا با برخورداری از ترکیب مناسب اسیدهای چرب غیراشباع اسید اولئیک (اومگا ۹)، اسید لینولئیک (اومگا ۶)، اسید آلفالینولنیک (اومگا ۳) و داشتن پایین‌ترین میزان اسیدهای چرب اشباع (حدود ۷ درصد) یکی از با کیفیت‌ترین روغن‌های خوراکی است (Dezfouli *et al.*, 2019). کنجاله کلزا نیز به‌عنوان یکی از مناسب‌ترین منابع در تغذیه دام و طیور می‌باشد. این گیاه دارای دو تیپ رشد بهاره و زمستانه است. در اقلیم‌های معتدل سرد و سرد، ارقام با تیپ رشد زمستانه و در اقلیم‌های گرم و مرطوب شمال و گرم و خشک جنوب، ارقام با تیپ

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

رشد بهاره کشت می‌شوند. همچنین امکان کشت ارقام با تیپ رشد بهاره در مناطق معتدل سرد و سرد بعد از رفع خطر یخبندان در اواخر زمستان وجود دارد (Alizadeh *et al*., 2019). این محصول از بهترین گیاهان تناوبی با گندم می‌باشد و برای پایداری تولید گندم بهتر است هر چهار سال یک بار در تناوب با گندم کشت شود. بنابراین لازم است ۲۵ درصد اراضی زیر کشت گندم در الگوی کشت پایدار به کلزا اختصاص یابد. از جمله ویژگی‌های دیگر کلزا می‌توان سازگاری به شرایط متنوع آب و هوایی، تأمین سوخت‌های زیستی، کنترل علف‌های هرز و عملکرد روغن بالا را نام برد. با توجه به این ویژگی‌های خاص، توسعه کشت و تولید کلزا به‌عنوان نقطه امیدی برای تأمین بخشی از نیاز روغن خوراکی کشور به‌شمار می‌آید (Alizadeh *et al*., 2021). یکی از راه‌حل‌های توسعه کشت و تولید کلزا، افزایش عملکرد در واحد سطح با کشت ارقام اصلاح شده و پرمحصول می‌باشد.

یکی از مهمترین مشکلات برنامه‌های به‌نژادی برای تولید ارقام با پتانسیل تولید عملکرد بالا و پایدار، وجود برهمکنش ژنوتیپ × محیط می‌باشد. برهمکنش ژنوتیپ × محیط سبب کاهش همبستگی بین ارزش‌های فنوتیپی و ژنوتیپی می‌شود و با تغییر عملکرد نسبی ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب را پیچیده و با مشکل مواجه می‌کند (Eagles & Frey, 1977; Mahdavi *et al*., 2020). به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و پایدار، آزمایشات مقایسه عملکرد تکراردار در چند مکان و در چند سال انجام می‌شود که در این آزمایشات علاوه بر معیار عملکرد، میزان پایداری ژنوتیپ‌ها نیز در نظر گرفته می‌شود و در نهایت ژنوتیپ‌هایی گزینش می‌شوند که عملکرد بالا و برهمکنش ژنوتیپ × محیط کمتری داشته باشند (Ahmadi *et al*., 2016).

روش‌های زیادی برای بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط توسط محققان مختلف به‌کار برده شده است. این روش‌ها شامل دو دسته اصلی تک‌متغیره و چندمتغیره می‌باشند (Ebadi *et al*., 2017). در میان روش‌های چندمتغیره، روش اثر اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر AMMI (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction) به‌عنوان روشی مناسب و کارا برای تجزیه و تحلیل برهمکنش ژنوتیپ × محیط استفاده شده است. روش AMMI ترکیبی از تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی می‌باشد. در این روش اثرات اصلی ژنوتیپ‌ها و محیط (اثر اصلی جمع‌پذیر) با استفاده از تجزیه واریانس برآورد شده و سپس برهمکنش ژنوتیپ × محیط (اثر متقابل ضرب‌پذیر) با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. از آنجایی‌که این روش اثرات اصلی و اثرات متقابل را از یکدیگر تفکیک و بخش اعظمی از برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه می‌کند، توسط محققان زیادی به‌منظور تجزیه پایداری و تجزیه و تحلیل برهمکنش ژنوتیپ × محیط استفاده شده است (Ebdon & Gauch, 2002). همچنین این روش در پایه‌ریزی برنامه‌های به‌نژادی بلندمدت در خصوص سازگاری خصوصی و عمومی، انتخاب محیط ایده‌آل و گروه‌بندی محیط‌ها بسیار مناسب می‌باشد (Gauch & Zobel, 1996).

نووساد و همکاران (Nowosad *et al*., 2016) و علیزاده و همکاران (Alizadeh *et al*., 2021) با استفاده از روش AMMI در ژنوتیپ‌های کلزا، اثرات محیط، ژنوتیپ و برهمکنش آن‌ها را مورد بررسی قرار دادند و گزارش کردند که روش AMMI مناسب‌ترین روش برای تجزیه و تحلیل برهمکنش ژنوتیپ × محیط و تعیین ارقام پایدار می‌باشد. استفاده از روش AMMI برای بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در گیاهان مختلف از جمله گلرنگ (Ebrahimi *et al*., 2016)، کنجد (Movahedi *et al*., 2020)، آفتابگردان (Ghaffari *et al*., 2021a)، سویا (Habtegebriel *et al*., 2022)، گندم نان (Abyar *et al*., 2022)، باقلا (Greveniotis *et al*., 2023)، نخود (Danakumara *et al*., 2023)، چغندرقند (Taleghani *et al*., 2023)، یولاف (Wodebo *et al*., 2023)، جو (Pour-Aboughadareh *et al*., 2023) و ذرت شیرین (Mousavi *et al*., 2023) گزارش شده است.

هدف از اجرای این پژوهش، بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط از طریق روش چندمتغیره AMMI در ژنوتیپ‌های کلزا و شناسایی و معرفی ژنوتیپ‌های با عملکرد دانه بالا و پایدار بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش تعداد نه لاین جهش‌یافته کلزای زمستانه به‌همراه شش رقم در شش ایستگاه تحقیقاتی (کرج، کرمانشاه، اصفهان، همدان، زرقان و قزوین) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دو سال زراعی ۱۴۰۰–۱۴۰۱ و ۱۴۰۱–۱۴۰۲ مورد ارزیابی قرار گرفتند. کد، نام و شجره ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ و برخی مشخصات اقلیمی مناطق اجرای آزمایش در جدول ۲ ذکر شده است. مشخصات فنی و زراعی دوازده آزمایش (محیط) این طرح در کلیه مناطق یکسان بود و ژنوتیپ‌ها به‌عنوان عامل ثابت در نظر گرفته شدند. پس از شخم، دیسک (برای خرد شدن کلوخه‌ها) و ماله (جهت تسطیح)، بر اساس نتایج آزمایشات تجزیه خاک اقدام به کودپاشی (تمام پتاس و فسفر مورد نیاز و یک‌سوم کود نیتروژن لازم برمبنای دستورالعمل تولید کلزا در اقالیم مختلف کشور) و پخش یکنواخت علف‌کش ترفلان در سطح مزرعه شد و به‌وسیله دیسک سبک کود و علف کش با خاک مخلوط شدند. کشت در تاریخ مناسب هر منطقه انجام‌شد. در تمام مناطق ژنوتیپ‌ها در ۴ خط ۵ متری به فاصله ۳۰ سانتیمتر کشت شد. تراکم بوته در واحد سطح حدود ۶۰ بوته در مترمربع بود و این تراکم با توزین وزن بذر و نیز عمل تنک ایجاد شد. در مرحله شش برگی در صورت نیاز وجین به‌صورت دستی انجام شد. باقیمانده کود نیتروژن در دو مرحله شروع ساقه رفتن بوته‌ها و نیز ظهور اولین غنچه‌های گل مصرف شد. طی دوران رشد در صورت مشاهده شته از سم کنفیدور و دیمیتوات به‌ترتیب به‌میزان ۰/۲۵ لیتر و یک لیتر در هکتار استفاده شد. آبیاری‌ها به‌صورت نشتی انجام گردید. در زمان رسیدگی فیزیولوژیک، برداشت محصول هر رقم از

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]
[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

دو خط میانی با حذف نیم متر از ابتدا و انتهای هر خط کاشت انجام شد و پس از تبدیل، عملکرد دانه در هکتار (کیلوگرم در هکتار) محاسبه گردید.

جدول ۱- شماره، کد و شجره ژنوتیپ‌های کلزا مورد بررسی

Table 1. Code, name and pedigree of the tested rapeseed genotypes

شماره No.	کد Code	نام/شجره Name/Pedigree	منشأ Origin	شرکت Company
1	G1	Zarfam	Iran	Seed and Plant Improvement Institute (SPII)
2	G2	Z-800-3	Iran	Nuclear Agriculture Research School
3	G3	Z-880-6	Iran	Nuclear Agriculture Research School
4	G4	Z-900-6	Iran	Nuclear Agriculture Research School
5	G5	Z-900-7	Iran	Nuclear Agriculture Research School
6	G6	Z-900-8	Iran	Nuclear Agriculture Research School
7	G7	Z-900-9	Iran	Nuclear Agriculture Research School
8	G8	Talaye	Germany	Seed and Plant Improvement Institute (SPII)
9	G9	T-1200-1	Iran	Nuclear Agriculture Research School
10	G10	Express	Germany	NPZ
11	G11	Exp-800-1	Iran	Nuclear Agriculture Research School
12	G12	Exp-800-2	Iran	Nuclear Agriculture Research School
13	G13	Okapi	France	Seed and Plant Improvement Institute (SPII)
14	G14	Ahmadi	Iran	Seed and Plant Improvement Institute (SPII)
15	G15	Nima	Iran	Seed and Plant Improvement Institute (SPII)

جدول ۲- خصوصیات اقلیمی محیط‌های مورد مطالعه در این تحقیق

Table 2. Agro-climatic characteristics of the environments studied in this research

کد Code	مکان Location	فصل زراعی Cropping season	طول جغرافیایی (درجه دقیقه) Longitude (E)	عرض جغرافیایی (درجه دقیقه) Latitude (N)	ارتفاع از سطح دریا (متر) Altitude (m)	متوسط بارندگی سالانه (میلی‌متر) Rainfall (mm)
Krj1	Karaj	2021-2022	50º 54′	35º 56′	1312	300
Krj2	Karaj	2022-2023				
Isf1	Isfahan	2021-2022	51º 40′	32º 35′	1545	138
Isf2	Isfahan	2022-2023				
Krm1	Kermanshah	2021-2022	47º 26′	34º 08′	1346	468
Krm2	Kermanshah	2022-2023				
Hmd1	Hamadan	2021-2022	48º 40′	35º 12′	1758	308
Hmd2	Hamadan	2022-2023				
Zrg1	Zarghan	2021-2022	52° 42'	29° 47'	1596	305
Zrg2	Zarghan	2022-2023				
Qaz1	Qazvin	2021-2022	49° 54'	36° 15'	1285	320
Qaz2	Qazvin	2022-2023				

تجزیه و تحلیل آماری

ابتدا آزمون نرمال بودن باقیمانده‌ها به‌روش آزمون کولموگروف-اسیمروف (Kolmogorov-Smirnov) با استفاده از نرم‌افزار SPSS ver 20 (SPSS, 2010) انجام شد. سپس در ادامه برای بررسی پایداری عملکرد دانه لاین‌ها و ارقام از روش چند متغیره AMMI استفاده شد. مدل تجزیه AMMI به‌صورت زیر است (Gauch, 1992; Gauch & Zobel, 1996):

$$Y_{ger} = \mu + \sigma_g + \beta_e + \sum_{n-1}^{N} \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

در رابطه بالا، Y_{ger} تکرار rام از عملکرد ژنوتیپ gام در محیط eام، μ میانگین کل، σ_g و β_e به ترتیب اثر اصلی ژنوتیپ gام (اختلاف میانگین ژنوتیپ gام از میانگین کل) و اثر اصلی محیط eام (اختلاف میانگین محیط eام از میانگین کل)، λ_n مقدار منفرد برای مؤلفه اصلی nام که برابر با جذر مقدار ویژه (Eigen value) مربوط به همان مؤلفه اصلی است، γ_{gn} بردار ویژه (Eigen vector) ژنوتیپ gام از مؤلفه اصلی nام اثر متقابل، δ_{en} بردار ویژه محیط eام از مؤلفه اصلی nام اثر متقابل، ρ_{ge} مانده مدل ضرب‌پذیر مربوط به ژنوتیپ gام در محیط eام، ε_{ger} مانده مدل جمع‌پذیر مربوط به تکرار rام از عملکرد ژنوتیپ gام در محیط eام و N تعداد مؤلفه‌های اصلی مدل AMMI است (Gauch & Zobel, 1996).

برای محاسبه پایداری ژنوتیپ‌ها از پارامتر پایداری ASV (AMMI Stability Value) که بر اساس رابطه زیر محاسبه می‌شود، استفاده شد (Purchase *et al*., 2000):

$$ASV = \sqrt{\frac{SS_{IPCA1}}{SS_{IPCA2}} (IPCA1_{score})^2 + (IPCA2_{score})^2}$$

در رابطه بالا SSIPCA1 و SSIPCA2 به‌ترتیب مجموع مربعات مربوط به اولین و دومین مؤلفه‌های اصلی برهمکنش ژنوتیپ × محیط و IPCA1 و IPCA2 به‌ترتیب مربوط به مقدار نمره‌های مؤلفه اصلی اول و دوم برهمکنش برای هریک از ژنوتیپ‌ها هستند. در این پژوهش برای تجزیه AMMI از نرم‌افزار SAS ver 9.1 (SAS Institute Inc, 2011) و برای رسم نمودارها از نرم‌افزار Minitab ver 14 (MINITAB, 2005) استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس مرکب صفت عملکرد دانه نشان داد که اثر محیط، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال ۰/۰۱ معنی‌دار بود (جدول ۳). محاسبه درصد مجموع مربعات سه منبع محیط، ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × محیط به مجموع آن‌ها نشان داد که واریانس بین محیط‌ها ۷۷/۵۶ درصد، واریانس بین ژنوتیپ‌ها ۳/۹۶ درصد و واریانس اثر متقابل ژنوتیپ × محیط ۱۸/۴۸ درصد از تغییرات عملکرد دانه را به‌خود اختصاص داده‌اند (جدول ۳). بنابراین، عمده تغییرات موجود در داده‌ها بوسیله واریانس محیط‌ها توجیه شده است. با توجه به این‌که محیط‌های آزمایش طیف وسیعی از فاکتورهای محیطی (ارتفاع از سطح دریا، درجه حرارت، میزان

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

بارندگی و نوع خاک) را دارا بوده‌اند، اختصاص عمده تغییرات به واریانس محیط‌ها دور از انتظار نیست. نوساد و همکارن (Nowosad *et al*., 2016) و علیزاده و همکاران (Alizadeh *et al*., 2021) نیز در کلزا گزارش کردند که عمده تغییرات موجود در داده‌ها را اثر محیط به خود اختصاص می‌دهد. سایر پژوهشگران نیز در محصولات دیگر گزارش کرده‌اند که اثر محیط درصد قابل‌توجهی از تغییرات موجود در داده‌ها را در آزمایش‌های چند محیطی به خود اختصاص داده است (Vaezi *et al*., 2017; Ghaffari *et al*., 2021b; Gholizadeh *et al*., 2022).

اثر معنی‌دار ژنوتیپ نیز بیانگر تنوع ژنتیکی بین مواد آزمایشی است. همچنین نتایج تجزیه واریانس مرکب نشان داد که اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در سطح احتمال ۰/۰۱ معنی‌دار بود (جدول ۳). معنی‌دار شدن اثر متقابل ژنوتیپ × محیط در این مطالعه نشان‌دهنده این مطلب است که ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف پاسخ‌های متفاوتی نشان داده‌اند و به‌عبارت دیگر عملکرد ژنوتیپ‌ها از محیطی به محیطی دیگر یکسان نیست و از این‌رو، پایداری عملکرد دانه و تجزیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط باید مورد بررسی قرار گیرد. واکنش ژنوتیپ‌های مختلف معمولاً به‌دلیل پاسخ متفاوت ژن‌ها و یا قدرت تظاهر متفاوت آن‌ها در محیط‌های مختلف است (Falconer, 1981; Jafari & Farshadfar, 2018).

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب عملکرد دانه ژنوتیپ‌های کلزا در محیط‌های مختلف

Table 3. Combined analysis of variance for grain yield of rapeseed genotypes in different environments

منابع تغییرات Source of variations	درجه آزادی df	مجموع مربعات Sum of squares	میانگین مربعات Mean square	مجموع مربعات توجیه‌شده (درصد) %TSS[a]	واریانس تجمعی Cumulative variance
محیط Environment (E)	11	422375481	38397771**	77.56	
تکرار درون محیط Replication / E	24	15409484	642062		
ژنوتیپ Genotype (G)	14	21570402	1540743**	3.96	
ژنوتیپ × محیط G × E	154	100611152	653319**	18.48	
مؤلفه اصلی اول IPCA1	24	40752780	1698033**	40.51	40.51
مؤلفه اصلی دوم IPCA2	22	17522024	796456**	17.42	57.93
مؤلفه اصلی سوم IPCA3	20	13587124	679356**	13.50	71.43
مؤلفه اصلی چهارم IPCA4	18	8976943	498719**	8.92	80.35
باقیمانده‌ها Residuals	70	19772280	282461	19.65	
خطا Error	336	75454605	224567		
کل Total	539	635421125	1178889		

** معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱

** Significant at the 0.01 probability level. [a]Justified sum of squares (percent)

با توجه به معنی‌دار شدن برهمکنش ژنوتیپ × محیط در این آزمایش، به‌منظور تعیین ژنوتیپ‌های پایدار و تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط از روش چندمتغیره AMMI استفاده شد. نتایج تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط نشان داد که چهار مؤلفه اصلی برهمکنش معنی‌دار بودند و مابقی مؤلفه‌های اصلی برهمکنش غیرمعنی‌دار، به‌عنوان باقیمانده در نظر گرفته شدند. چهار مؤلفه اصلی اول در مجموع ۸۰/۳۵ درصد از تغییرات مربوط به برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند که سهم هریک به‌ترتیب برابر با ۴۰/۵۱، ۱۷/۴۲، ۱۳/۵۰ و ۸/۹۲ درصد بود (جدول ۳). نووساد و همکاران (Nowosad *et al*., 2016) از روش AMMI به‌منظور تجزیه برهمکنش ژنوتیپ × محیط در ژنوتیپ‌های کلزا استفاده و گزارش کردند که سه مؤلفه اول ۹۳/۷۵ درصد از مجموع مربعات برهمکنش را توجیه کردند. همچنین علیزاده و همکاران (Alizadeh *et al*., 2021) در بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط در ۱۳ ژنوتیپ کلزا با استفاده از روش AMMI، بیان کردند که سهم پنج مؤلفه اصلی در توجیه برهمکنش ۸۵/۴ درصد است.

میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و مقادیر نمره‌های چهار مؤلفه اصلی ژنوتیپ × محیط ($IPCA_k$) و پارامتر پایداری ASV در جدول ۴ ارایه شده است. نتایج نشان داد که میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های مورد بررسی در دامنه‌ای بین ۲۶۶۹ تا ۳۳۹۸ با میانگین کل ۳۰۶۵ کیلوگرم در هکتار بود و ژنوتیپ‌های G1 و G15 به‌ترتیب کمترین و بیشترین عملکرد دانه را تولید کردند (جدول ۴). میانگین عملکرد ژنوتیپ‌های G3، G4، G6، G7، G8 و G9 نیز از میانگین عملکرد کل آزمایش بیشتر بود. روش AMMI دارای پارامترهای مختلفی است که مهم‌ترین آن‌ها پارامتر پایداری ASV است که توسط پژوهشگران زیادی جهت ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده شده است (Khomari *et al*., 2017; Sadeghzadeh *et al*., 2018; Fallahi *et al*., 2018; Taherian *et al*., 2019). برمبنای پارامتر پایداری ASV، ژنوتیپی پایدار است که دارای ASV کم‌تری باشد. در این آزمایش طبق پارامتر پایداری ASV که بر اساس دو مؤلفه اصلی اول محاسبه شده است، ژنوتیپ‌های G2 و G9 به‌ترتیب کم‌ترین مقدار ASV را به‌خود اختصاص دادند و در این میان بر اساس پارامتر ASV، ژنوتیپ G9 با داشتن عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل آزمایش، به‌عنوان ژنوتیپ

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

پایدار با عملکرد دانه بالا شناخته شد. هم‌چنین ژنوتیپ G15 با داشتن بالاترین مقدار ASV به‌عنوان ناپایدارترین ژنوتیپ شناخته شد (جدول ۴). پارامتر میانگین رتبه (ASR) که بر اساس میانگین رتبه عملکرد دانه و چهار مؤلفه اصلی معنی‌دار محاسبه شده است، نشان داد که ژنوتیپ‌های G2، G11، G6 و G9 با کم‌ترین مقدار ASR پایدارترین و ژنوتیپ‌های G10، G12، G3 و G13 با بالاترین مقدار ASR ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند (جدول ۴). در بین ژنوتیپ‌های پایدار، ژنوتیپ‌های G6 و G9 به‌دلیل داشتن میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، به‌عنوان ژنوتیپ با عملکرد و سازگاری عمومی خوب شناخته شدند.

میانگین عملکرد دانه محیط‌ها به‌همراه مقادیر چهار مؤلفه اصلی برهمکنش محیطی و پارامتر پایداری ASV جهت بررسی پایداری محیط‌ها در جدول ۵ نمایش داده شده است. بیش‌ترین و کم‌ترین مقدار عملکرد دانه محیطی به‌ترتیب مربوط به محیط‌های Zar1 (زرقان سال اول با مقدار ۴۱۹۹ کیلوگرم در هکتار) و Krj2 (کرج سال دوم با مقدار ۱۲۸۹ کیلوگرم در هکتار) بود. محیط‌های Isf1 (اصفهان سال اول)، Qaz1 (قزوین سال اول)، Hmd1 (همدان سال اول) و Isf2 (اصفهان سال دوم) با داشتن کم‌ترین مقدار پارامتر ASV به‌عنوان پایدارترین و محیط‌های Zar2 (زرقان سال دوم)، Zar1 (زرقان سال اول)، Qaz2 (قزوین سال دوم) با داشتن بالاترین مقدار پارامتر ASV به‌عنوان ناپایدارترین محیط‌ها شناخته شدند.

نتایج پارامتر میانگین رتبه (ASR) که بر اساس میانگین رتبه عملکرد دانه و چهار مؤلفه اصلی معنی‌دار محاسبه شده بود، نیز هم‌راستا با نتایج پارامتر پایداری ASV در شناسایی محیط‌های پایدار و ناپایدار بود (جدول ۵). نکته قابل‌توجه این است که محیط‌هایی مناسب و ایده‌آل محسوب می‌شوند که دارای برهمکنش بزرگ باشند. زیرا در این محیط‌ها تفاوت بین ژنوتیپ‌ها بهتر نمایان می‌شود (Alizadeh *et al.*, 2021). بنابراین با توجه به این نکته، مکان زرقان به‌دلیل دارا بودن برهمکنش بزرگ (ناپایدارترین محیط)، بیش‌ترین تأثیر را در برهمکنش داشت و به‌نظر می‌رسد جهت تمایز و جدا کردن ژنوتیپ‌ها مناسب می‌باشد.

جدول ۴- میانگین عملکرد دانه، مقادیر مؤلفه‌های اصلی و رتبه ژنوتیپ‌های کلزا

Table 4. Mean grain yield, the values of the main components and the rank of rapeseed genotypes

ژنوتیپ Genotype	عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) Seed yield (kg.ha^{-1})	مؤلفه اصلی اول IPCA1	مؤلفه اصلی دوم IPCA2	مؤلفه اصلی سوم IPCA3	مؤلفه اصلیچهارم IPCA4	شاخص پایداری امی ASV	میانگین رتبه Rank average
G1	2669	13.01	-4.37	-24.74	-6.60	20.94	
G2	2785	1.34	2.16	-10.69	0.35	3.88	
G3	3152	-19.19	18.29	-6.48	9.33	40.46	
G4	3190	-16.43	3.25	5.15	8.11	25.56	
G5	3012	-4.52	8.82	1.29	-20.94	15.12	
G6	3208	-28.14	-1.22	1.22	3.69	42.99	
G7	3243	-12.84	3.05	24.49	-16.33	20.15	
G8	3364	-0.21	-22.43	-9.41	-13.51	34.24	
G9	3159	-6.09	5.90	-8.97	-6.72	12.95	
G10	2964	-4.98	-26.18	8.84	19.00	40.68	
G11	2973	0.97	-14.34	-2.38	3.61	21.93	
G12	2940	7.21	13.75	-10.77	12.88	23.71	
G13	3059	27.47	-7.85	10.84	-2.00	43.61	
G14	2859	13.06	5.29	13.09	3.77	21.51	
G15	3398	29.32	15.87	8.53	5.38	50.88	
رتبه Rank							
G1	15	9	5	15	7	5	9.33
G2	14	3	2	10	1	1	5.17
G3	7	12	13	5	10	11	9.67
G4	5	11	4	4	9	9	7.00
G5	9	4	9	2	15	3	7.00
G6	4	14	1	1	4	13	6.17
G7	3	8	3	14	13	4	7.50
G8	2	1	14	9	12	10	8.00
G9	6	6	7	8	8	2	6.17
G10	11	5	15	7	14	12	10.67
G11	10	2	11	3	3	7	6.00
G12	12	7	10	11	11	8	9.83
G13	8	13	8	12	2	14	9.50
G14	13	10	6	13	5	6	8.83
G15	1	15	12	6	6	15	9.17

نمودار بای‌پلات میانگین عملکرد دانه ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و مقادیر اولین مؤلفه اصلی برهمکنش برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها در شکل ۱ نمایش داده شده است. محور افقی نشانگر اثر اصلی جمع‌پذیر یا میانگین عملکرد دانه بر حسب کیلوگرم در هکتار و محور عمودی اثرات متقابل ضربی یا مقادیر اولین مؤلفه اصلی (IPCA1) است. در شکل ۱ خط عمود در میانه بای‌پلات بیان‌گر میانگین عملکرد دانه کل دو سال آزمایش است. بنابراین محیط‌ها و ژنوتیپ‌های سمت راست این خط دارای عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل هستند. با توجه به این مطلب ژنوتیپ‌های G15، G8، G7، G6، G4، G9 و G3 با قرار گرفتن در سمت راست خط عمود واقع در میانه بای‌پلات، عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل را به‌خود اختصاص دادند. ژنوتیپ‌های G1، G2 و G14 کم‌ترین میزان عملکرد دانه را داشتند. هم‌چنین خط افقی در میانه بای‌پلات بیان‌گر عدم وجود برهمکنش است به این ترتیب ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که نزدیک این خط قرار دارند، نقش کم‌تری در ایجاد برهمکنش دارند. در حالی‌که ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که از این خط فاصله دارند، دارای سهم بیش‌تر در ایجاد برهمکنش هستند. با توجه به این نکات، ژنوتیپ‌های G8، G11، G2، G5 و G10 دارای برهکنش پایین بودند ولی ژنوتیپ G8 به‌علت داشتن میانگین عملکرد بالاتر از میانگین کل به‌عنوان ژنوتیپ پایدار و با عملکرد دانه بالا انتخاب شد (شکل ۱). ژنوتیپ‌هایی که عملکرد دانه کمتری داشته باشند اما دارای مقادیر مثبت برای اولین مؤلفه اصلی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

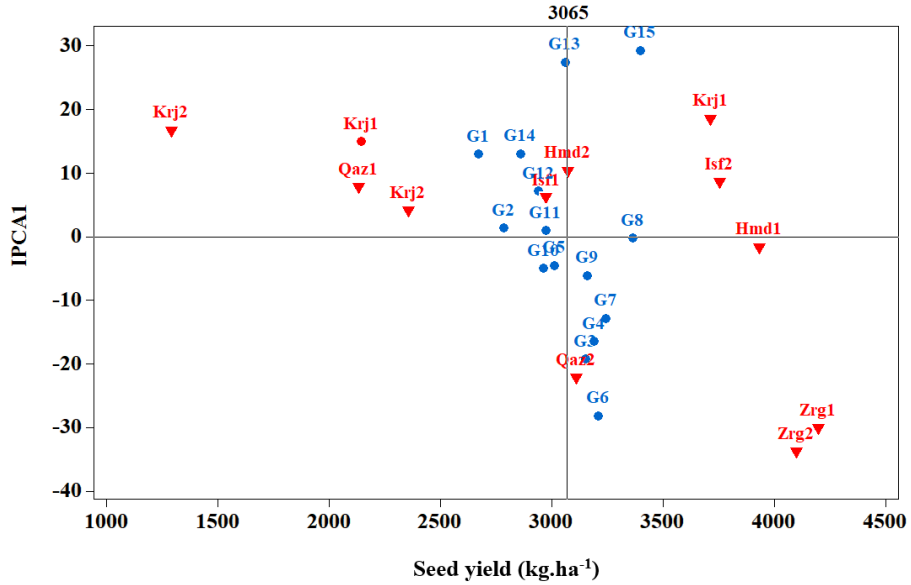
[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

برهمکنش (IPCA1) باشند، برای کاشت در نواحی و مناطق ضعیف و کم‌بازده توصیه می‌شوند؛ به‌عبارتی این ژنوتیپ‌ها با مناطق ضعیف و کم‌بازده برهمکنش مثبت دارند (Alizadeh *et al.*, 2021). در این مطالعه ژنوتیپ‌های G2، G1، G14، G12 و G11 چنین وضعیتی را نشان می‌دهند.

جدول ۵- میانگین عملکرد دانه، مقادیر مؤلفه‌های اصلی و رتبه محیط‌های مورد بررسی

Table 5. Mean grain yield, the values of the main components and the rank of studied environments

شاخص پایداری امی ASV	مؤلفه اصلی چهارم IPCA4	مؤلفه اصلی سوم IPCA3	مؤلفه اصلی دوم IPCA2	مؤلفه اصلی اول IPCA1	عملکرد دانه (کیلوگرم در هکتار) Seed yield ($kg.ha^{-1}$)	محیط‌ها Environments
9.70	-11.04	9.28	1.68	6.13	2978	Isf1
13.41	8.23	-4.98	-1.44	8.66	3754	Isf2
12.96	-5.26	4.94	8.34	-1.58	3934	Hmd1
16.24	18.85	9.03	-2.25	10.40	3074	Hmd2
11.94	4.32	-3.73	-0.45	7.81	2132	Qaz1
50.83	-16.59	-4.32	-24.88	-22.13	3110	Qaz2
32.34	-20.15	-23.97	15.00	14.97	2145	Krj1
26.92	8.99	-14.21	5.52	16.75	1289	Krj2
51.15	14.59	-17.64	-14.87	-30.03	4199	Zrg1
71.40	2.69	11.69	32.36	-33.77	4098	Zrg2
30.31	6.24	10.65	-6.89	18.62	3713	Krm1
19.56	-10.84	23.26	-12.12	4.18	2355	Krm2
میانگین رتبه Rank average						رتبه Rank
4.83	1	8	6	3	3	8	Isf1
4.00	4	5	4	2	5	4	Isf2
3.33	3	3	3	7	1	3	Hmd1
6.33	5	11	5	4	6	7	Hmd2
3.50	2	2	1	1	4	11	Qaz1
8.17	10	10	2	11	10	6	Qaz2
10.00	9	12	12	10	7	10	Krj1
7.83	7	6	9	5	8	12	Krj2
8.50	11	9	10	9	11	1	Zrg1
7.83	12	1	8	12	12	2	Zrg2
6.50	8	4	7	6	9	5	Krm1
7.17	6	7	11	8	2	9	Krm2

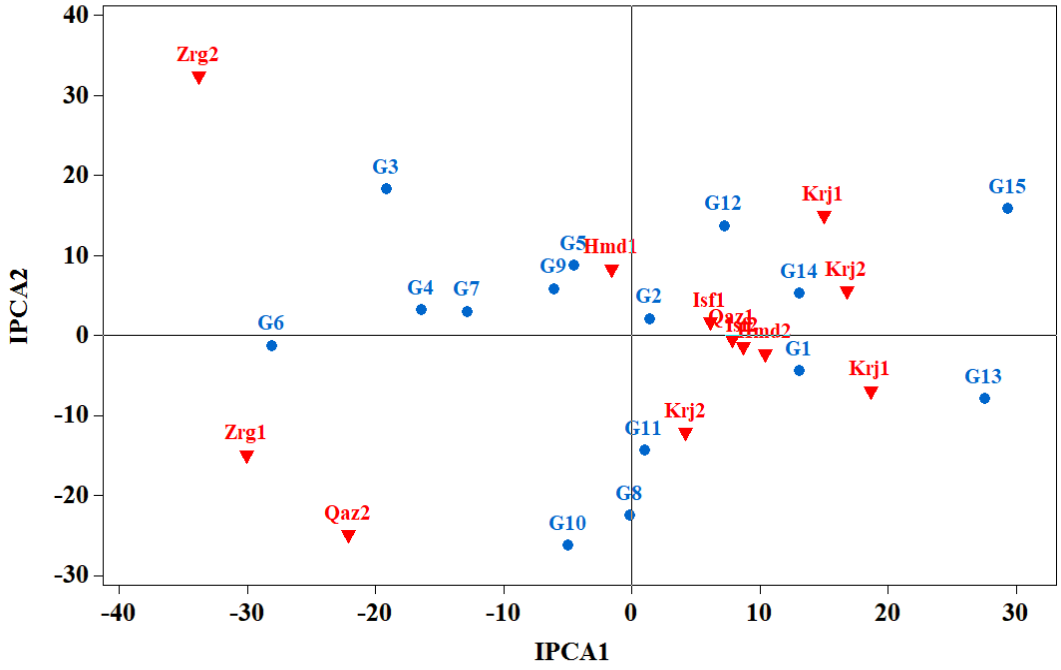


شکل ۱- نمودار بای‌پلات میانگین عملکرد دانه و اولین مؤلفه اصلی برهمکنش ژنوتیپ × محیط برای ۱۵ ژنوتیپ کلزا و ۱۲ محیط

Figure 1. Biplot graph of mean seed yield and first main components of genotype × environment interaction for 15 rapeseed genotypes and 12 environments

شکل ۲ نمودار بای‌پلات مؤلفه‌های اصلی اول و دوم برهمکنش برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌های مورد مطالعه را نشان می‌دهد. این بای‌پلات در مجموع ۵۷/۹۳ درصد از تغییرات مربوط به برهمکنش ژنوتیپ × محیط را توجیه کردند. چراکه سهم مؤلفه‌های اصلی اول و دوم در تفکیک ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به‌ترتیب برابر با ۴۰/۵۱ و ۱۷/۴۲ درصد بود. با توجه به شکل ۲، ژنوتیپ‌های G3، G15، G13 و G12 دارای برهمکنش بزرگی بوده و به‌همین دلیل ناپایدار می‌باشند. ژنوتیپ‌های G2، G9 و G5 از برهمکنش کمتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بودند ولی ژنوتیپ G9 به‌دلیل داشتن میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، به‌عنوان ژنوتیپ با سازگاری عمومی خوب شناخته شد. همانطور که گفته شد جهت تمایز و جدا کردن ژنوتیپ‌ها، محیط‌هایی مناسب می‌باشند که دارای برهمکنش بزرگ باشند. با توجه به شکل ۲، در بین محیط‌ها، بیشترین میزان برهمکنش مربوط به محیط‌های Zar1 (زرقان سال اول)، Zar2 (زرقان سال دوم)، و Qaz2 (قزوین سال دوم) بود. به‌عبارت دیگر، مکان زرقان، بیشترین تأثیر را در برهمکنش داشت و به‌عنوان محیط ایده‌آل جهت تمایز و جدا کردن ژنوتیپ‌ها در کلزا شناخته شد.

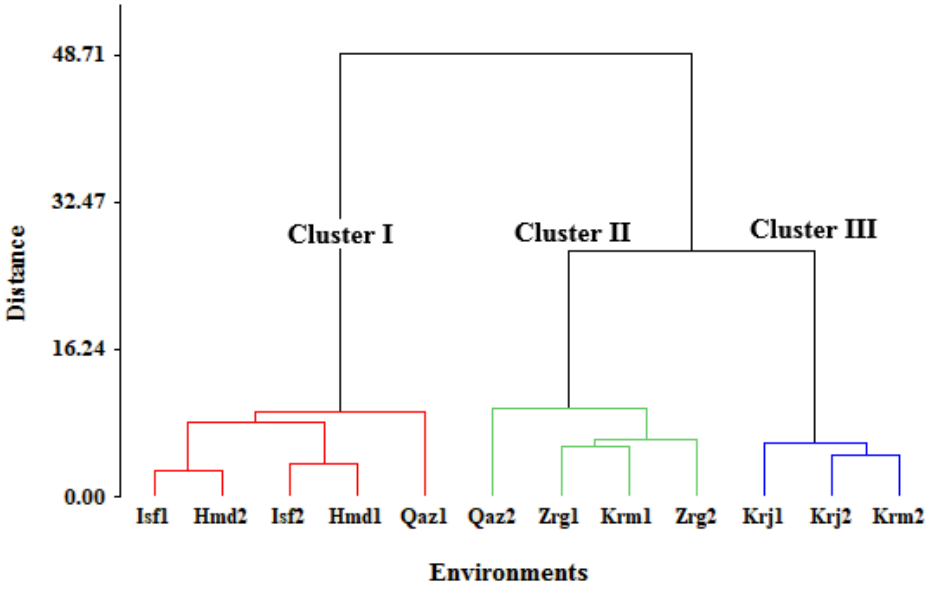
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]
[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]



شکل ۲- نمودار بای‌پلات دو مؤلفه اصلی اول و دوم برهمکنش ژنوتیپ × محیط برای ۱۵ ژنوتیپ کلزا و ۱۲ محیط
Figure 2. Biplot graph of two main components of genotype × environment interaction for 15 rapeseed genotypes and 12 environments

گروه‌بندی محیط‌ها برمبنای رتبه میانگین عملکرد دانه محیط‌های مورد بررسی و چهار مؤلفه اصلی معنی‌دار برهمکنش، سه گروه از محیط‌ها را مشخص کرد (شکل ۳). گروه اول (Cluster I) شامل محیط‌های Isf1 (اصفهان سال اول)، Hmd2 (همدان سال دوم)، Isf2 (اصفهان سال دوم)، Hmd1 (همدان سال اول) و Qaz1 (قزوین سال اول) بود. چهار محیط Qaz2 (قزوین سال دوم)، Zrg1 (زرقان سال اول)، Krm1 (کرمانشاه سال اول) و Zrg2 (زرقان سال دوم) در گروه دوم (Cluster II) قرار گرفتند (شکل ۲). گروه سوم (Cluster III) نیز شامل محیط‌های Krj1 (کرج سال اول)، Krj2 (کرج سال دوم) و Krm2 (کرمانشاه سال دوم) بود. محیط‌هایی که در یک گروه قرار می‌گیرند، از نظر مقادیر اثر متقابل ژنوتیپ × محیط نزدیک به هم هستند و محیط‌های با حداقل اثر متقاطع در یک گروه قرار می‌گیرند. در مقابل محیط‌هایی که در گروه‌های متفاوت قرار می‌گیرند دارای اثر متقابل متقاطع یا کراس‌اوری نسبت به‌هم می‌باشند (Yan & Rajcan, 2002; Yan & Kang, 2003). بنابراین، قرار گرفتن همدان و اصفهان در یک گروه نشان‌دهنده برهمکنش افزایشی یا غیرکراس‌اوری این دو مکان است. قرار گرفتن هر دو سال آزمایش اصفهان، همدان، زرقان و کرج در یک گروه نیز بیانگر قابلیت پیش‌بینی و تکرارپذیری این ایستگاه‌ها می‌باشد. به‌عبارت دیگر این امر نشان‌دهنده تغییرات اندک شرایط اقلیمی این مناطق در طول دو سال مورد بررسی بود. لذا با تکرار این آزمایش در سال‌های بعد در صورتی‌که نتایج آزمایش همچنان نزدیک به سال‌های قبل باشد، می‌توان گفت که تغییرات آب و هوایی این مناطق در طی چند سال روی عملکرد کلزا تأثیر چندانی نداشته و می‌توان آزمایشات بررسی ژنوتیپ‌های کلزا را با تعداد سال کمتری انجام داد. تجزیه خوشه‌ای به‌منظور گروه‌بندی محیط‌ها در آزمایشات چند محیطی در کلزا (Alizadeh *et al.*, 2020)، گندم نان (Abyar *et al.*, 2021) و آفتابگردان (Ghaffari *et al.*, 2022) نیز مورد استفاده قرار گرفته است.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]
[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]



شکل ۳- گروه‌بندی محیط‌های مورد مطالعه بر اساس رتبه میانگین عملکرد دانه و چهار مؤلفه اصلی برهمکنش ژنوتیپ × محیط
Figure 3. Classification of the studied environments based on rank of mean seed yield and four main components of genotype × environment interaction

نتیجه‌گیری کلی

به‌طور کلی نتایج نشان داد که روش چندمتغیره AMMI ابزاری مفید برای بررسی برهمکنش ژنوتیپ × محیط بوده و اطلاعات مفیدی در مورد ژنوتیپ‌های پایدار و با عملکرد بالا در اختیار قرار می‌دهد. بر اساس پارامتر میانگین رتبه (ASR)، ژنوتیپ‌های G2، G11، G6 و G9 با کم‌ترین مقدار ASR پایدارترین و ژنوتیپ‌های G10، G12، G3 و G13 با بالاترین مقدار ASR ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. در بین ژنوتیپ‌های پایدار، ژنوتیپ‌های G6 و G9 به‌دلیل داشتن میانگین عملکرد دانه بالاتر از میانگین کل، به‌عنوان ژنوتیپ با عملکرد و سازگاری عمومی خوب شناخته شدند. همچنین مکان زرقان به‌دلیل داشتن برهمکنش بالا، به‌عنوان ایده‌آل‌ترین محیط جهت تمایز و جدا کردن ژنوتیپ‌های کلزا شناخته شد. تجزیه خوشه‌ای محیط‌های مورد مطالعه را به سه گروه تفکیک کرد. قرار گرفتن هر دو سال آزمایش مکان‌های اصفهان، همدان، زرقان و کرج در یک گروه نیز بیان‌گر قابلیت پیش‌بینی و تکرارپذیری بالای این مکان‌ها می‌باشد.

References

Abyar, S., Navabpour, S., Karimizadeh, R., Gholizadeh, A., Nasrollahnejad ghomi, A. A., & Kiani, G. (2022). Grain yield stability evaluation of bread wheat genotypes using AMMI multivariate methods. *Journal of Crop Production and Processing*, 12(1), 119-132. [In Persian]

Abyar, S., Navabpour, S., Karimizadeh, R., Nasrollahnejad ghomi, A. A., Kiani, G., & Gholizadeh, A. (2021). Evaluation of genotype × environment interaction and grain yield stability of different bread wheat genotypes using non-parametric methods. *Cereal Research*, 11(2), 89-104. [In Persian]

Ahmadi, J., Vaezi, B., & Pour-Aboughadareh, A. (2016). Evaluation of forage yield stability of advanced lines of grass pea (*Lathyrus sativa* L.) by parametric and non-parametric methods. *Journal of Crop Breeding*, 8, 149-159. [In Persian]

Alizadeh, B., Rezaizad, A., Yazdandoost Hamedani, M., Shiresmaeili, G., Nasserghadimi, F., & Khademhamzeh, H. R., & Gholizadeh, A. (2021). Analysis of genotype × environment interaction for seed yield in winter rapeseed cultivars and lines using multivariate method of additive main effects and multiplicative interaction. *Journal of Crop Production and Processing*, 11(1), 95-108. [n Persian]

Alizadeh, B., Rezaizad, A., Yazdandoost Hamedani, M., Shiresmaeili, G., Nasserghadimi, F., Khademhamzeh, H. R., & Gholizadeh, A. (2020). Evaluation of seed yield stability of winter rapeseed (*Brassica napus* L.) genotypes using non-parametric methods. *Journal of Crop Breeding*, 12(35), 202-212. [In Persian]

Alizadeh, B., Yazdandust Hamedani, M., Rezaei Zad, A., Azizinia, S., Khiyavi, M., Shirani Rad, A. H., Javidfar, F., Pasban Eslam, B., Mostafavi Rad, M., Shariati, F., Rahmanpour Ozan, S., Alem Khumaram, M. H., Majd Nasiri, B., Amiri Oghan, A., & Zareei Siahbidi, A. (2019). Nima, New Winter Oilseed Rape Variety for Cultivation in the Cold and Moderately Cold Regions of Iran. *Research Achievements for Field and Horticulture Crops*, 8, 61-76. [In Persian]

Danakumara, T., Kumar, T., Kumar, N., Patil, B. S., Bharadwaj, C., Patel, U., Joshi, N., Bindra, S., Tripathi, S., Varshney, R. K., & Chaturvedi, S. K. (2023). A multi-model based stability analysis

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

employing multi-environmental trials (METs) data for discerning heat tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.) landraces. *Plants*, 12, 3691.

Dezfouli, P. M., Sedghi, M., Shariatpanahi, M. E., Niazian, M., & Alizadeh, B. (2019). Assessment of general and specific combining abilities in doubled haploid lines of rapeseed (*Brassica napus* L.). *Industrial Crops and Products*, 141, 111754.

Eagles, H., & Frey, K. J. (1977). Repeatability of the stability-variance parameter in oats 1. *Crop Science*, 17, 253-256.

Ebadi, A. A., Abdollahi, S., & Azizi, H. (2017). Pattern analysis of genotype and year interaction for grain yield in mutant lines of rice (*Oryza sativ*a L.) using AMMI multivariate method. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 47, 565-573. [In Persian]

Ebdon, J., & Gauch, H. (2002). AMMI analysis of national turfgrass performance trials. II. Cultivar recommendations. *Crop Science*, 42, 497-506.

Ebrahimi, F., Majidi, M. M., Arzani, A., & Mohammadi-Nejad, G. (2016). Oil and seed yield stability in a worldwide collection of safflower under arid environments of Iran. *Euphytica*, 212, 131-144.

Falconer, D. S. (1981). Introduction to quantitative genetics. 2nd Ed. Longman, London, UK.

Fallahi, H. A., Ebrahimnejad, S., Sabouri, H., Lakzadeh, I., Ghasemi, M., & Shirali, K. (2018). Evaluation of genotype × interaction effects on grain yield of barely genotypes using additive main effects and multiplicative interactions (AMMI). *Journal of Crop Breeding*, 9, 144-151. [In Persian]

Gauch, H. G. (1992). Statistical analysis of regional trials. AMMI analysis of factorial designs. Elsevier, Amsterdam, Netherlands. 287 p.

Gauch, H. G., & Zobel, R. W. (1996). AMMI analysis of yield trials. In: Kang M. S. and Gauch-Jr, H. G. (Eds.). Genotype by environment interaction. CRC Press, Boca Raton, New York. pp: 85-122.

Ghaffari, M., Gholizadeh, A., Andarkhor, S. A., Zareei Siahbidi, A., Kalantar Ahmadi, S. A., Shariati, F., & Rezaeizad, A. (2021a). Pattern analysis of genotype × environment interaction for seed yield in sunflower using multivariate method of additive main effects and multiplicative interaction. *Journal of Crop Breeding*, 13(39), 208-218. [In Persian]

Ghaffari, M., Gholizadeh, A., Andarkhor, S. A., Zareei Siahbidi, A., Kalantar Ahmadi, S. A., Shariati, F., & Rezaeizad, A., (2022). Evaluation of Seed Yield Stability of Sunflower Genotypes Using Non-Parametric Statistics. *Journal of Crop Production and Processing*, 12(1), 1-13. [In Persian]

Ghaffari, M., Gholizadeh, A., Andarkhor, S. A., Zareei Siahbidi, A., Kalantar Ahmadi, S. A., Shariati, F., & Rezaeizad, A. (2021b). Stability and genotype × environment analysis of oil yield of sunflower single cross hybrids in diverse environments of Iran. *Euphytica*, 217(10), 187.

Gholizadeh, A., Khodadadi, M., & Sharifi-Zagheh, A. (2022). Evaluation of genotype × environment interaction for essential oil yield of coriander genotypes under different irrigation conditions using GGE biplot method. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 15(1), 43-52. [In Persian]

Greveniotis, V., Bouloumpasi, E., Zotis, S., Korkovelos, A., Kantas, D., & Constantinos G. (2023). Genotype-by-environment interaction analysis for quantity and quality traits in faba beans using AMMI, GGE models, and stability indices. *Plants*, 12(21), 3769

Habtegebriel, M. H. (2022). Adaptability and stability for soybean yield by AMMI and GGE models in Ethiopia. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1-19.

Jafari, T., & Farshadfar, E. (2018). Stability analysis of bread wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.) by GGE biplot. *Cereal Research*, 8, 199-208. [In Persian]

Khomari, A., Mostafavi, K., & Mohammadi, A. (2017). Stability Study of Yield in Sunflower (*Helianthus annuus* L.) Cultivars using AMMI Method. *Journal of Crop Breeding*, 9, 117-124. [In Persian]

Mahdavi, A. M., Babaeian Jelodar, N., Farshadfar, E., & Bagheri, N. (2020). Evaluation of stability and adaption of bread wheat genotypes using univariate statistics parameters and AMMI. *Plant Genetic Researches*, 7, 19-32. [In Persian]

MINITAB, INC. (2005). Minitab user's guide, vers. 14. Minitab Inc, Harrisburg, Pennsylvania, USA.

Mousavi S. M. N., Illés, A., Szabó, A., Shojaei, S. H., Demeter, C., Bakos, Z., Vad, A., Széles, A., Nagy, J., & Bojtor, C. (2023). Stability yield indices on different sweet corn hybrids based on AMMI analysis. *Brazilian Journal of Biology*, 84, e270680.

Movahedi, H., Mostafavi, K., Shams, M., & Golparvar, A. R. (2020). AMMI analysis of genotype × environment interaction on grain yield of sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes in Iran. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 34(1), 1013-1018.

Nowosad, K., Liersch, A., Popławska, W., & Bocianowski, J. (2016). Genotype by environment interaction for seed yield in rapeseed (*Brassica napus* L.) using additive main effects and multiplicative interaction model. *Euphytica*, 208, 187-194.

Pour-Aboughadareh, A., Ghazvini, H., Jasemi, S. S., Mohammadi, S., Razavi, S. A., Chaichi, M., Ghasemi Kalkhoran, M., Monirifar, H., Tajali, H., Fathihafshjani, A., & Bocianowski, J. (2023). Selection of high-yielding and stable genotypes of barley for the cold climate in Iran. *Plants*, 12, 2410.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]

Purchase, J., Hatting, H., & Van Deventer, C. (2000). Genotype × environment interaction of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) in South Africa: II. Stability analysis of yield performance. *South African Journal of Plant and Soil*, 17, 101-107.

Sadeghzadeh, B., Mohammadi, R., Ahmadi, H., Abediasl, G. R., Ahmadi, M. M., Mohammadfam, M., Bahrami, N., Khaledian, M. S., & Naserian, A. A. (2018). GGE biplot and AMMI application in the study of adaptability and grain yield stability of durum lines under dryland conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 11, 241-260. [In Persian]

SAS, Inc. (2011) Base SAS 9.1 procedures guide. SAS Institute Inc, Cary.

SPSS, Inc. (2010). SPSS 20. Users Guied. Chicago, USA.

Taherian, M., Bihamta, M. R., Peyghambari, S. A., Alizadeh, H., & Rasoulnia, A. (2019). Stability analysis and selection of salinity tolerant barley genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 11, 93-103. [In Persian]

Taleghani, D., Rajabi, A., Saremirad, A., & Fasahat, P. (2023). Stability analysis and selection of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes using AMMI, BLUP, GGE biplot and MTSI. *Scientific Reports*, 13, 10019.

Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Armion, M., Mehraban, A., Hossein-Pour, T., & Dorii, M. (2017). GGE biplot and AMMI analysis of barley yield performance in Iran. *Cereal Research Communications*, 45, 500-511.

Wodebo, K. Y., Tolemariam, T., Demeke, S., Garedew, W., Tesfaye, T., Zeleke, M., Gemiyu, D., Bedeke, W., Wamatu, J., & Sharma, M. (2023). AMMI and GGE biplot analyses for mega-environment identification and selection of some high-yielding oat (*Avena sativa* L.) genotypes for multiple environments. *Plants*, 12, 3064.

Yan, W., & Kang, M. S. (2003). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL, USA.

Yan, W., & Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42, 11-20.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-07]

[DOI: 10.61186/jcb.17.1.25]