دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

اثر اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر (AMMI) در بررسی پایداری عملکرد گندم نان (*Triticum aestivum* L.)

ع. آرمینیان[1] و س. هوشمند[2]

۱- استادیار دانشکده کشاورزی، دانشگاه ایلام (نویسنده مسوول)
۲- دانشیار دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد

تاریخ دریافت: ۹۰/۸/۱۷ تاریخ پذیرش: ۹۱/۴/۴

چکیده

این تحقیق در جمعیتی متشکل از ۱۰۳ لاین دبل هاپلوئید (DH) و والدین آنها و ۵ رقم گندم نان بومی ایران، در سه سال زراعی (۱۳۸۸-۱۳۸۶) در قالب طرح لاتیس مستطیل (۱۱×۱۰) سه‌گانه در مزرعه اجرا گردید. نتایج تجزیه امی عملکرد دانه در واحد سطح نشان داد: اثرات اصلی سال، ژنوتیپ و اثر متقابل آنها معنی‌دار (P<۰/۰۱) بوده که نشان دهنده تأثیر زیاد این عوامل بر عملکرد دانه بود. دو مؤلفه اول امی (IPCA) تمامی تنوع (به ترتیب ۵۹/۲۳ و ۴۰/۷۷ درصد) اثر متقابل ژنوتیپ و محیط را توجیه نمود. نتایج اعتبارسنجی کورنلیوس (آمارهٔ FR) حاکی از مناسب بودن مدل AMMI2 بوده که براساس آن، بای‌پلات‌های میانگین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها (سال) در مقابل مؤلفه‌های اصلی ترسیم گردیده که در آن، ژنوتیپ‌ها در سه دسته قرار گرفتند. همچنین شش ژنوتیپ برتر در تمام محیط‌ها انتخاب شدند که می‌توان آنها را با توجه به پایداری و عملکرد بالاتر به عنوان والدین تلاقی‌ها در برنامه‌های اصلاحی گندم نان انتخاب نمود.

واژه‌های کلیدی: تجزیه پایداری AMMI، عملکرد دانه، گندم نان

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) اولین و مهمترین محصول (غله) کشاورزی ایران و جهان است (۲۳ و ۳۲). گندم نان به عنوان یک منبع غذایی، اهمیت عمده‌ای داشته و احتمالاً محوری برای شروع کشاورزی بوده است (۲۰).

اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در علوم کشاورزی، ژنتیک، تکامل و پژوهش‌های آماری نقش مهمی را ایفا می‌کند. این مبحث به واکنش‌های مختلف ژنوتیپ‌های مختلف در محیط‌های گوناگون بر می‌گردد (۲۲). روش اثر اصلی جمع‌پذیر و اثر متقابل ضرب‌پذیر یا امی (AMMI)[1] جهت درک اثر متقابل پیچیده ژنوتیپ و محیط نسبت به روش‌های دیگر تجزیه پایداری، مفید و مؤثر می‌باشد. به نظر می‌رسد این روش بهترین و پرکاربردترین

1- AMMI, Additive main and interaction effect

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

راهکار تجزیه پایداری بوده که با ترکیب تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) (۳۹) حتی نسبت به روش GGEbiplot (۱۵، ۱۸، ۳۷ و ۳۸) کارآمدتر می‌باشد.

روش امی بخش بزرگی از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه نموده و اثرات اصلی و متقابل را از یکدیگر تفکیک کرده (۱۲) که از آن برای پایه‌ریزی برنامه‌های اصلاحی همچون سازگاری خصوصی و انتخاب محیط مناسب استفاده می‌گردد (۱۷). تراکانوواس و روزگاس (۳۵) روش امی را به عنوان روشی مؤثر برای مطالعهٔ اثر متقابل ژنوتیپ و محیط معرفی کرده و بیان داشتند که نتایج بای‌پلات حاصل از آن می‌تواند ارقام مناسب را برای کشت در محیط‌های مختلف و یا شرایط محیطی خاص مشخص و معرفی نماید. طبق نظر محققان (۱۷ و ۳۶)، داشتن دو مؤلفهٔ اول معنی‌دار در مدل امی، بهترین حالت جهت بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است.

برای تشخیص بهترین مدل امی با مطلوب‌ترین مؤلفه‌ها، روش‌هایی وجود دارد از جمله: ۱) محاسبهٔ پارامتر RMSPD[1] با نرم‌افزار MATMODEL (۱۶) بر اساس روش اعتبارسنجی[2] (۱۳ و ۱۴) و ۲) ارائه آزمون معادل FR کورنلیوس و همکاران (۸) علاوه بر تست‌هایی همانند FH1 و FH2 (۸، ۱۱ و ۳۱) بخصوص زمانی که نتوان از روش‌های پیشرفته همانند روش پیش‌بینی‌کننده[3] و پس‌رونده[4] استفاده نمود. در روش امی، بهتر است به جای مقادیر مشاهده شده مربوط به صفات ژنوتیپ‌ها، با حذف نمودن اثر اصلی مکان (محیط)، از مقادیر تخمینی یا مورد انتظار صفات استفاده نموده (۳) که از اعتبار بیشتری برخوردار بوده و محاسبه آنها نیز ساده‌تر می‌باشد.

عسگری‌نیا و همکاران (۵) جهت بررسی الگوی اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط برای عملکرد دانه، ۱۰ رقم گندم در ۸ محیط (ترکیب دو تیمار ازت و ۴ رژیم آبیاری) از روش امی استفاده نموده و گزارش دادند که آثار ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل بین آنها برای عملکرد بسیار معنی‌دار بوده و سه مؤلفهٔ اول روی‌همرفته ۸۹ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه نموده و بر اساس نمودارهای تجزیه الگوی دو مؤلفه IPCA1 و IPCA2 رقم پیشتاز دارای پایداری عمومی بوده و عملکرد بالاتری داشته است.

همچنین میوت و همکاران (۲۹) از روش تجزیه امی جهت بررسی اثر متقابل GE بر صفات کیفی ۲۵ رقم گندم در ۷ محیط، در ۲ دوره رشد در ترکیه استفاده نمودند. طاغوتی و همکاران (۳۴) نیز از تجزیه امی جهت بررسی صفات کیفی در ۱۲ رقم گندم دوروم، در سه فصل رشد و ۵ ناحیه استفاده نموده و گزارش دادند که محیط، ژنوتیپ و اثر متقابل این دو روی صفات کیفی معنی‌دار بوده و مدل مناسب، AMMI3 بوده که در آن سه مؤلفه اکثر تنوع موجود در اثر متقابل GE را توجیه نمودند.

در این تحقیق تجزیه پایداری به روش

1- RMSPD, Root mean square prediction difference
2- Cross validation
3- Predictive
4- Postdictive

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

AMMI جهت عملکرد دانه در جمعیتی متشکل از لاین‌های دبل هاپلوئید، والدین و برخی ارقام بومی گندم نان بررسی و بر این اساس ژنوتیپ‌ها دسته‌بندی و رتبه بندی گردیده و در هر محیط تعدادی از بهترین ژنوتیپ‌ها انتخاب شده که می‌توانند بعنوان والدین تلاقی (از نظر پایداری و عملکرد دانه) در برنامه‌های اصلاحی افزایش عملکرد دانه گندم پیشنهاد گردند.

مواد و روشها

این تحقیق در طی سال‌های زراعی ۱۳۸۶-۱۳۸۸ در مزارع تحقیقاتی دانشکدهٔ کشاورزی دانشگاه شهرکرد (مرکز استان چهار محال و بختیاری) با ارتفاع ۲۰۶۰ متر از سطح دریا در طول شرقی ۴۹ درجه و ۲۲ دقیقه تا ۵۰ درجه و ۴۹ دقیقه و عرض جغرافیایی شمالی ۳۲ درجه و ۲۰ دقیقه تا ۳۳ درجه و ۳۱ دقیقه انجام گردید. تعداد ۱۰۳ لاین دبل‌هاپلوئید گندم نان بهاره با منشأ کانادا و حاصل از دو رقم والدی P8911-G1D3 (P1) و ES32 (P2) به روش تلاقی با ذرت (۲۵) به همراه والدین و ۵ رقم گندم بومی، روشن، امید، نیک‌نژاد، بک‌کراس روشن و الوند به عنوان شاهد مورد استفاده قرار گرفت.

آزمایشات مزرعه‌ای در قالب طرح لاتیس مستطیل سه‌گانه ۱۱×۱۰ اجرا گردید. کرت‌های آزمایشی شامل ۴ ردیف از بوته‌ها با ۲ متر طول و ۲۰ سانتی‌متر فاصلهٔ خطوط، با فاصلهٔ بوته‌ها ۴ سانتی‌متر بود. کشت ارقام در اواخر اسفند انجام گردیده و عملکرد دانه برحسب گرم در واحد سطح (مترمربع) هنگام برداشت بعنوان مهمترین صفت اقتصادی ثبت گردید. در روش امی (AMMI) تجزیه مؤلفه‌های اصلی روی ماتریس باقیمانده‌ها (اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط) انجام شده و پارامترهایی بنام مؤلفه‌های اصلی یا PCA های مربوط به اثر متقابل (IPCA) بدست آمده که سپس F آنها از نظر معنی‌دار بودن بررسی می‌شود. مدل ریاضی تجزیه امی به صورت زیر است:

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

در این مدل، Y_{ger} عملکرد g امین ژنوتیپ در e امین محیط در تکرار r، μ میانگین کل، α_g انحراف میانگین ژنوتیپ، β_e انحراف میانگین محیطی، λ_n مقدار منفرد برای n محور تجزیه به مؤلفه اصلی، γ_{gn} و δ_{en} امتیاز (بردار) های PCA یا بردارهای منفرد به ترتیب برای ژنوتیپ و محیط در محور n ام PCA، N تعداد محورهای PCA درمدل، ρ_{ge} ماتریس باقیمانده‌ها و ε_{ger} نیز خطای باقیمانده مربوط به k امین تکرار می‌باشد. مقدار نویز یا ρ_{ge} به باقیماندهٔ حاصل از اثرات متقابل اطلاق می‌گردد و بوسیلهٔ مدل‌های کاهشی مانند امی و خطا توسط طرح‌های آزمایشی مناسب برآورد می‌شود. همچنین بردارهای ویژه γ_g و δ_e بدون واحد هستند، در حالیکه مقدار منفرد δ_n دارای واحد عملکرد است (۱۴). حاصلضرب مقدار مؤلفهٔ اصلی (IPCAi) یک ژنوتیپ در مقدار مؤلفهٔ اصلی یک محیط برابر

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

با مقدار اثر متقابل بین آن ژنوتیپ و محیط خاص می‌باشد (۹). در مدل امی، چندین مؤلفهٔ اصلی بدست می‌آید که به کمک آنها میانگین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها در یک دیاگرام دو بعدی بنام بای‌پلات برازش شده و براساس آن میزان پایداری و هموستازی ژنوتیپ‌ها تعیین می‌گردد. در روش امی، به کمک مقادیر مورد انتظار یا اسمی (تصحیح شده یا تخمینی[1]) صفات بعنوان معیار گزینش بهره برده و لذا واکنش به انتخاب افزایش می‌یابد (۲۱). همچنین در تجزیه به روش AMMI می‌توان تجزیه و تحلیل ژنوتیپ(های) تکمیلی[2] را نیز انجام داد. در این راهکار (۳۰) در هر محیط پرعملکردترین ژنوتیپ را به عنوان شاهد در نظر گرفته و بقیه ژنوتیپ‌ها را با برآورد فاصلهٔ آنها از ژنوتیپ کنترل، مقایسه نموده و IPCA هایی را به دست آورده تا میزان پایداری آنها را بسنجند. در این تحقیق نرم‌افزار آماری MINITAB نسخهٔ ۱۶ (۲۸) جهت نرمال‌سازی داده‌ها، بررسی یکنواختی واریانس‌ها و تجزیهٔ مرکب و تجزیهٔ پایداری امی و کلاستربندی ارقام براساس عملکردهای تخمینی یا برآورد شده استفاده گردید.

نتایج و بحث

جدول یک شامل تجزیه واریانسAMMI شامل آمارهٔ F گالوب (۱۹) و روش اعتبارسنجی کورنلیوس (۷ و ۱۱) بوده که در ادامه آورده شده است. آزمون F گالوب، معمول‌ترین روش آزمون اثرات امی بوده و آزمون F کورنلیوس نیز روشی جایگزین برای اعتبارسنجی مدل امی بوده و بیشتر برای تخمین بهترین مدل امی بکار می‌رود. استفاده از عملکردهای تخمینی[3] ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف به جای عملکردهای خام یا مشاهده شده جهت دسته‌بندی خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها بسیار مهم و ضروری است. جدول یک، تجزیه‌های واریانس مرکب و AMMI برای عملکرد، طی سه سال را نشان داده که در آن آثار اصلی جمع‌پذیر سال، ژنوتیپ و اثر متقابل این دو (GY) معنی‌دار بوده و به ترتیب ۳۶، ۱۲/۱ و ۱۹/۸ درصد از تنوع کل را توجیه نمودند. لذا بین سال‌ها با هم و نیز بین ژنوتیپ‌ها باهم تفاوت معنی‌دار وجود داشت. اثر متقابل GY به دو مؤلفه اصلی معنی‌دار ($P<0/01$) تفکیک شده که تمامی تنوع موجود را توجیه نمود.

1- Nominal 2- Complementary genotype 3- Nominal/estimated

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

جدول ۱- تجزیه واریانس عملکرد دانه گندم نان متشکل از ۱۰۳ لاین دبل‌هاپلوئید، والدین و ۵ رقم بومی در سه سال (۱۳۸۶-۱۳۸۸).

منابع تغییر	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	درصد نسبی از تنوع	درصد تجمعی از تنوع
سال (Y)	۲	۱۷/۴۳	۸/۷۲**	۳۶	۳۶
خطا (تکرار درون سال)	۶	۱/۴۹	۰/۲۵**	۳	۳۹
ژنوتیپ (G)	۱۰۰	۵/۸۹	۰/۰۶**	۱۲/۱	۵۱/۱
ژنوتیپ × سال (G× Y)	۲۰۰	۹/۶۷	۰/۰۵**	۱۹/۸	۷۰/۹
مؤلفهٔ اول ($IPCA_1$)	۱۰۱ (گالوب)	۵/۷۳ (گالوب)	۰/۰۶**(گالوب)	۵۹/۲۳ (از G×Y)	۵۹/۲۳ (از G×Y)
	۹۹ (کورنلیوس)	۳/۹۴ (کورنلیوس)	۰/۰۴**(کورنلیوس)	۱۱/۷۶ (از کل)	۱۱/۷۶ (از کل)
مؤلفهٔ دوم ($IPCA_2$)	۹۹ (گالوب)	۳/۹۴ (گالوب)	۰/۰۴** (گالوب)	۴۰/۷۷ (از G×Y)	۱۰۰ (از G×Y)
یا نویز	-	- (کورنلیوس)	-	۸/۱ (از کل)	۱۹/۸۶ (از کل)
خطا	۶۰۰	۱۴/۲۴	۰/۰۲۴		۲۹/۲
درصد ضریب تغییرات (CV)			۸/۵		

*، **: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

لاین‌های دبل هاپلوئید (DH) شمارهٔ ۷۷ و ۸۹ به ترتیب بیشترین (۰/۳۳۳۷) و کمترین (۰/۰۰۰۲) مقادیر اولین مؤلفه اصلی (IPCA1) را بدون در نظر گرفتن علامت دارا بودند. لاین‌های شمارهٔ ۸ و ۳۰ نیز بترتیب بیشترین (۰/۲۹۹۷-) و کمترین (۰/۰۰۰۴-) مقدار (از نظر قدر مطلق) مؤلفه دوم (IPCA2) را دارا بودند. لذا لاین‌های شمارهٔ ۸۹ و ۳۰ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. لاین‌های ۸ و ۷۷ بیشترین مقدار عددی مؤلفه‌های اول و دوم را داشته و لذا ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند. سال‌های ۱۳۸۷ و ۱۳۸۸ بدون در نظر گرفتن علامت‌ها، بیشترین مقادیر (به ترتیب ۰/۸۴۸ و ۰/۸۱۳۱-) مؤلفه اول را دارا بوده و لذا ناپایدارترین (متغیرترین) سال‌ها و سال ۱۳۸۸ نیز با کمترین ضریب ۰/۰۳۵۰- پایدارترین (باثبات‌ترین) سال برای عملکرد دانه بود. از نظر مؤلفه دوم سال‌های ۱۳۸۸ و ۱۳۸۷ با ضرایب (به ترتیب ۰/۸۷۳۶ و ۰/۴۶۴۵-) ناپایدارترین سال‌ها و سال ۱۳۸۶ نیز پایدارترین سال (ضریب ۰/۴۰۹۲-) برای عملکرد دانه بود.

با توجه به نتایج جدول ۱ و معنی‌دار بودن آماره‌های گالوب (۱۹) و FR کورنلیوس (۷) و مناسب بودن مدل AMMI2، پارامترهای اثر متقابل AMMI2 ژنوتیپ‌ها و سال‌ها برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در سال‌های مختلف، از طریق ترسیم بای‌پلات استفاده شدند. محققین مختلفی (۶، ۱۷، ۲۴ و ۲۶) این راهکار را جهت شناسایی میزان پایداری یک ژنوتیپ در محیط‌های مختلف استفاده نموده‌اند.

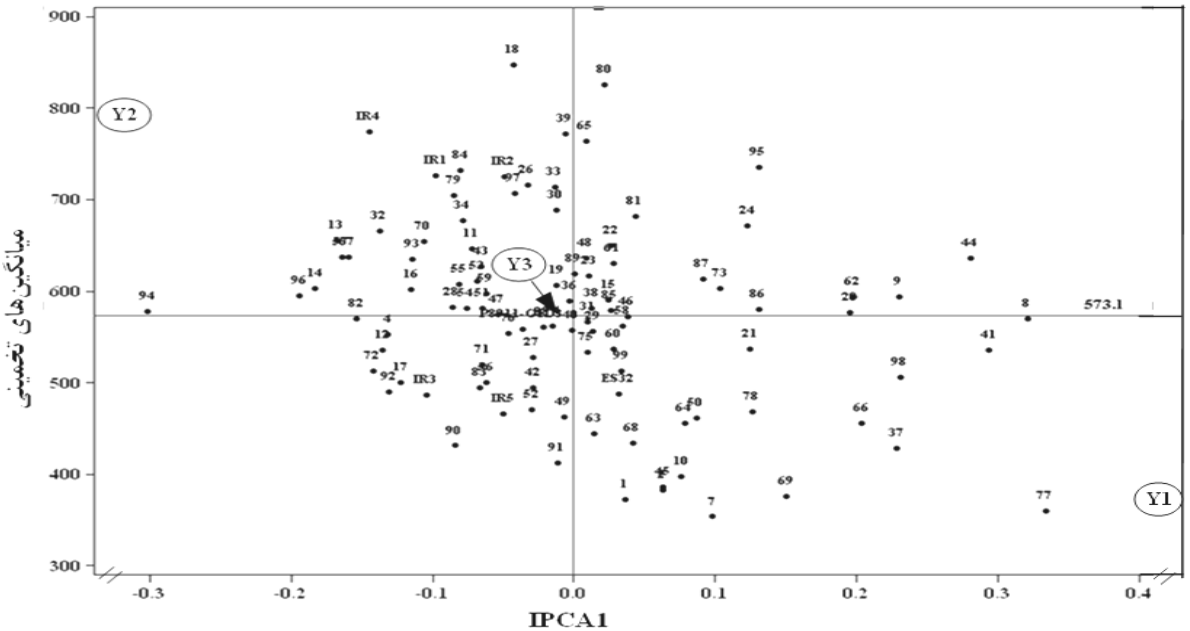
شکل یک، بای‌پلات مؤلفهٔ اول و مقادیر تخمینی یا برآورد شده (نومینال) عملکرد دانه مدل AMMI2 را نشان می‌دهد. در این نمودار، خط افقی میانهٔ نمودار، میانگین کل آزمایش را نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌ها و سال دوم یا ۱۳۸۷ (Y2) واقع بر روی این خط از نظر میانگین

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

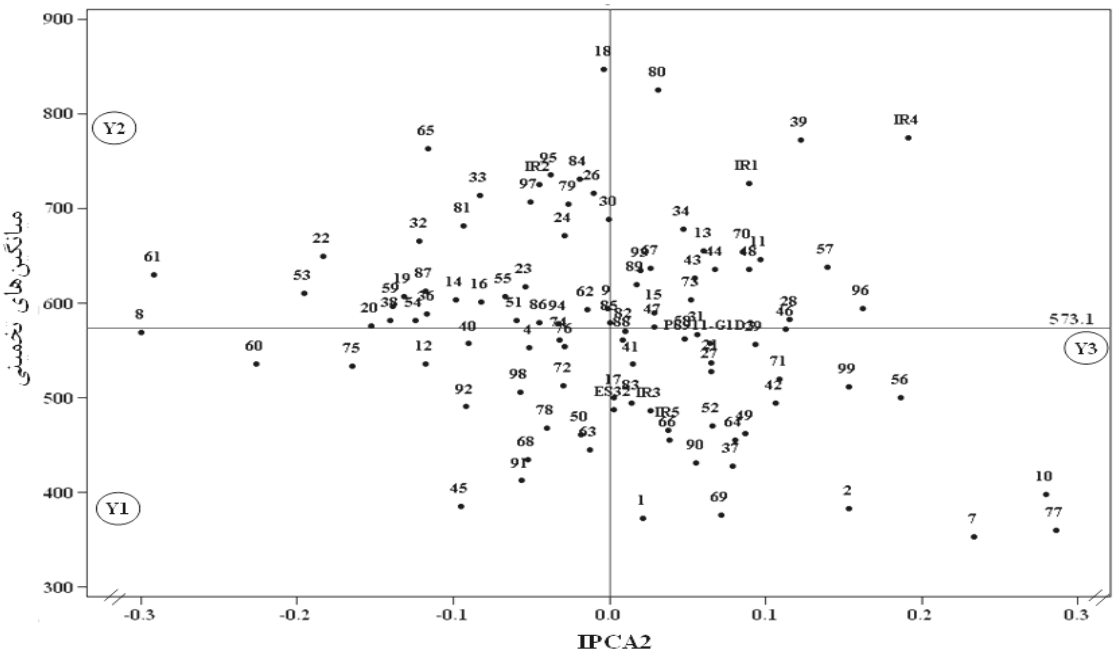
عملکرد واکنش مشابهی داشتند. همچنین دو مؤلفهٔ اول و دوم تمامی تنوع موجود در اثر متقابل GE را توجیه نموده، بطوری‌که مؤلفهٔ اول (IPCA1) بیش از نیمی (۵۹/۲۳ درصد) و مؤلفهٔ دوم (IPCA2) نیز بقیه (۴۰/۷۷ درصد) تنوع کل اثر متقابل GY را توجیه نمودند. بنا به شکل ۱، لاین‌های DH شمارهٔ ۱۸، ۸۰، ۳۹، ۶۵، ۹۵ و رقم بومی شمارهٔ ۴، بیشترین عملکرد را نسبت به میانگین عملکرد تمامی ژنوتیپ‌ها (۵۷۳/۱ گرم) دارا بودند. لاین‌های ۷، ۱، ۷۷، ۱، ۲، ۶۹ و ۴۵ کمترین عملکرد را در تمامی ۳ سال (۱۳۸۸-۱۳۸۶) داشتند. همچنین محور عمودی در وسط نمودار (شکل ۱)، دارای IPCA1=0 بوده که ناحیهٔ فقدان اثر متقابل را نشان می‌دهد. لذا ژنوتیپ‌ها و سال دوم یا ۱۳۸۷ (Y2)، دارای کمترین اثر متقابل بودند. در این رابطه، عسگری‌نیا و همکاران (۵) نیز روند مشابهی را برای تجزیه پایداری ارقام گندم گزارش نموده‌اند. در کل، ژنوتیپ‌ها و مکان یا سال‌هایی که اثر متقابل بالایی را نشان دهند، دارای مقادیر بزرگ (مثبت یا منفی) برای اولین مؤلفه هستند. ژنوتیپ‌ها و سال‌هایی با علامت‌های مشابه برای مقادیر IPCA1 یا IPCA2، آثار متقابل مثبت را ایجاد می‌کنند. بیشترین مقدار مثبت مؤلفهٔ اول یا اثر متقابل مثبت، مربوط به لاین‌های ۷۷، ۸، ۴، ۴۴، ۹، ۳۷، ۹۸، ۲۹، ۶۲ و ۶۶ و بیشترین مقدار اثر متقابل منفی (IPCA2) مربوط به لاین‌های ۹۴، ۹۶ و ۱۴ بود (شکل ۱). در مجموع، لاین‌های ۳۹، ۶۵، ۸۰ و ۱۸ طی سه سال توأماً از عملکرد و پایداری بالاتری برخوردار بوده که می‌توان آنها را انتخاب و در برنامه های اصلاحی بعدی به کار برد. در شکل ۱، اصطلاحات Y1، Y2 و Y3 سال‌های آزمایش (بترتیب ۱۳۸۶، ۱۳۸۷ و ۱۳۸۸) هستند که می‌توان آنها را به عنوان محیط یا منطقه نیز در نظر گرفت. ژنوتیپ‌های نزدیک یک سال خاص، در آن سال بهتر عمل نموده‌اند. به عنوان مثال لاین شمارهٔ ۹۴، مناسب سال ۱۳۸۷ (Y2) بوده است. به عبارت دیگر در سال دوم این ژنوتیپ بهتر عمل نموده و میانگین عملکرد آن کمی بیش از عملکرد کل ارقام بوده است. ژنوتیپ‌هایی که در بخش پائینی و راست بای‌پلات (شکل ۲) قرار دارند، مناسب مکان (سال) یک بوده و ژنوتیپ‌های واقع در مرکز بای‌پلات مذکور مناسب سال دوم می‌باشند. همچنین بقیهٔ ژنوتیپ‌ها بخصوص دو والد و لاین‌هایی که در مرکز بای‌پلات قرار دارند، در سال سوم (۱۳۸۸) بهتر عمل کرده‌اند.

تجزیه کلاستر در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در تجزیه امی براساس میانگین آنها در مقابل IPCA1 و یا IPCA2 و یا هر دو انجام شد. در شکل ۲ پراکنش ژنوتیپ‌ها در برابر مؤلفه اصلی دوم در تجزیه امی آورده شده که در آن ژنوتیپ‌های بخش بالا و پایین سمت راست بای‌پلات در سال سوم بهتر عمل کرده در حالی‌که ژنوتیپ‌های بالا و سمت چپ نمودار، در سال دوم و آنهایی که در سمت چپ و پایین آن قرار دارند در سال اول بهتر عمل کرده‌اند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]



شکل ۱- بای‌پلات میانگین ژنوتیپ‌ها و سال‌های ۱۳۸۶ (Y1)، ۱۳۸۷ (Y2) و ۱۳۸۸ (Y3) و مقادیر مؤلفهٔ اصلی اول در تجزیه امی عملکرد دانه در جمعیت لاین‌های دبل‌هاپلوئید گندم نان، علامات IR1 تا IR5 ارقام بومی و ES32 و P8911-G1D3 والدین هستند.

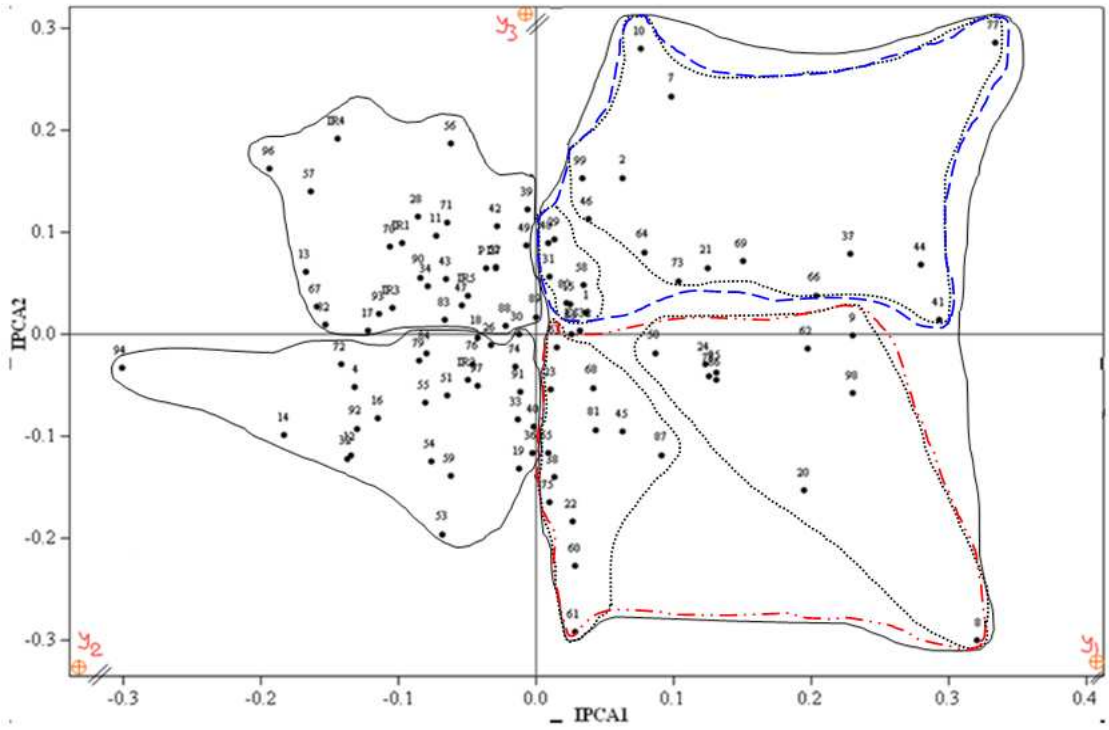


شکل ۲- بای‌پلات میانگین ژنوتیپ‌ها و سال‌های ۱۳۸۶ (Y1)، ۱۳۸۷ (Y2) و ۱۳۸۸ (Y3) و مقادیر مؤلفهٔ اصلی دوم در تجزیه امی عملکرد دانه در جمعیت لاین‌های دبل‌هاپلوئید گندم نان، علامات IR1 تا IR5 ارقام بومی و ES32 و P8911-G1D3 والدین هستند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

در این تحقیق لزوماً تجزیه خوشه‌ای با اولین و دومین مؤلفهٔ اصلی جهت تأیید نتایج بای‌پلات امی انجام گردید (شکل آورده نشده است). نتایج حاصل نشان داد که ژنوتیپ‌ها (لاین های DH، والدین و ارقام بومی) در سه دسته قرار گرفتند. بنا به شکل ۳، لاین‌های ۲۹، ۳۱ و ۴۸ در اول گروه شمارهٔ ۱ قرار گرفتند. والد شماره دو به نام ES32 به همراه برخی از لاین‌های دبل‌هاپلوئید در گروه شماره یک قرار گرفته‌اند. همچنین در گروه دوم رقم ایرانی شمارهٔ ۲ (IR2) به همراه تعدادی دیگر از لاین‌های دبل‌هاپلوئید قرار گرفته‌اند.

همانطور که در شکل ۳ دیده می‌شود، در سومین دسته از خوشه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس مدل امی، والد P8911-G1D3 (P1) به همراه دیگر ارقام بومی قرار گرفته‌اند. در شکل ۳ خطوط پیوسته، گروه‌های اصلی و خطوط بریده گروه‌های فرعی را نشان می‌دهد که می‌توان از گروه اصلی بزرگ اول جدا نموده و جداگانه بررسی نمود. البته زیرگروه‌های حاصله در شکل ۳ را نیز می‌توان به عنوان یک گروه پیشنهاد نمود. ژنوتیپ‌های بخش بالایی و راست بای‌پلات شکل ۳ (مثل ۴۱، ۴۴ و ۷۷) دارای IPCA1 و IPCA2 مثبت و ژنوتیپ‌هایی مثل ۸، ۹، ۲۰ و ۹۸ دارای IPCA1 مثبت و IPCA2 منفی هستند. ژنوتیپ‌های دورتر از مرکز، ناپایدارترند. ژنوتیپ‌های نزدیک به مرکز مثل ۶۳، ۷۴، ۸۹ و والد ES32 پایداری بیشتر و دارای مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم پایین می‌باشند.



شکل ۳- بای‌پلات مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم مدل AMMI خطوط پیوسته و بریده بسته به ترتیب گروه های اصلی و فرعی را نشان می‌دهند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

همانطور که گفته شد، محققین مختلفی (۱۰، ۲۷ و ۳۵) اقدام به بررسی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط به روش AMMI در گندم نموده و نتایج مشابهی را گزارش نموده‌اند. ولی بندرت در آزمایشی تمامی اثر متقابل ژنوتیپ در محیط با تعداد محدودی مؤلفهٔ اصلی توجیه می‌شود. در این ارتباط، امین‌زاده (۲) به منظور بررسی پایداری عملکرد دانه گندم، ۲۰ ژنوتیپ گندم را در اردبیل، در تجزیه امی بررسی نموده و مشاهده نمود که اثر مؤلفه اصلی اول معنی‌دار شده و با استفاده از همین مؤلفه، بای پلات مؤلفه اول در برابر میانگین ژنوتیپ‌ها را ترسیم نموده و ارقام پایدار و پرعملکردی را معرفی نمودند. آقایی‌سربرزه و همکاران (۱) نیز در بررسی ۱۴ لاین پیشرفته گندم و دو واریته شاهد به روش AMMI و ترسیم بای‌پلات اثر متقابل در سه سال و ۶ منطقه مشاهده نمودند که بین ژنوتیپ‌های مختلف تفاوت معنی‌داری برای عملکرد وجود داشته و دو مؤلفه اصلی اول و دوم به ترتیب ۶۱ و ۲۴ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه نمودند. این محققین نیز به کمک روش AMMI و ترسیم بای‌پلات های مربوطه، به معرفی پایدارترین و پرعملکردترین ژنوتیپ‌ها پرداختند.

در تجزیه امی می‌توان در هر محیط برخی از بهترین ژنوتیپ‌ها را براساس پایداری یا عملکرد تخمین و معرفی نمود. در تحقیق حاضر، شش تا از بهترین ژنوتیپ‌ها برای هر مکان، انتخاب و معرفی شده که در جدول زیر (جدول ۲) خلاصه شده‌اند.

جدول ۲- انتخاب ۶ تا از بهترین ژنوتیپ‌ها در سال‌های آزمایش

سال	میانگین عملکرد دانه	IPCA1	S1	S2	S3	S4	S5	S6
۱۳۸۶	۳۴۶/۷۴	۰/۸۵	۸	۴۴	۹۵	۲۰	۹	۴۱
۱۳۸۸	۵۴۹/۵۴	-۰/۰۴	IR4	۳۹	۸۰	۱۸	IR1	۵۷
۱۳۸۷	۷۴۱/۳۱	-۰/۸۱	۱۸	۳۲	۶۵	۱۴	۸۴	۹۴

در این جدول S1 تا S6 به معنای ترتیب انتخاب ژنوتیپ‌ها برای مکان های مختلف است. علامات IR1 و IR4 نیز دو رقم بومی ایرانی هستند. اعداد داخل جدول نیز شمارهٔ لاین‌های دبل‌هاپلوئید هستند.

در جدول ۲، سال‌ها براساس مقدار عددی مؤلفهٔ اول (IPCA1) رتبه‌بندی شده‌اند. بطوری‌که سال ۱۳۸۸ کمترین مقدار عددی مؤلفهٔ اول را داشته و پایدارترین سال بود. ولی از نظر میانگین، سال ۱۳۸۷ بیشترین میزان عملکرد دانه را داشت. لذا در کل و توأماً، هم از نظر پایداری و هم قدرمطلق مؤلفهٔ اول، سال ۱۳۸۸ وجود داشت. همانطور که در جدول ۲ دیده می‌شود، در سال ۱۳۸۶، لاین‌های شماره ۸، ۴۴، ۹۵، ۲۰، ۹ و ۴۱ به ترتیب از بالاترین ارزش برخوردار بوده و صرفنظر از عملکرد جزء پایدارترین ژنوتیپ‌ها محسوب شدند. به هر حال به کمک تجزیه AMMI می‌توان ژنوتیپ‌ها و مواد ژنتیکی آزمایش های مختلف تجزیه پایداری را بررسی نموده و از بین آنها منبع مناسبی را هم از نظر عملکرد بالا و هم پایداری

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

در سال‌ها یا مکان‌ها یا محیط‌های مختلف انتخاب و به عنوان ارقام مطلوب به مناطق مختلف کشور معرفی نموده یا به عنوان والدین تلاقی‌ها برگزید. زیرا که روش AMMI (۱۵، ۱۸، ۳۷ و ۳۸) به نظر، بهترین روش تجزیه پایداری ژنوتیپ‌ها می‌باشد و حتی نسبت به روش‌های دیگر بررسی اثرات متقابل مثل GGEbiplot (۳۷) و SHMM (۳۳) کارآمدتر است.

تشکر و قدردانی

نویسندگان لازم می‌دانند از پروفسور Hugh Jr. G. Gauch از دانشگاه کورنل به خاطر راهنمائی‌های ارزنده‌شان قدردانی نمایند.

منابع

1. Aghaee-Sarbarzeh, M.A., H. Safari, M. Roostai, K. Nader-Mahmoodi, M.M. Poorsiahbidi, A. Hesami, K. Soleimani, M.M. Ahmadi and R. Mohamadi. 2007. Study of general and specific adaptability of advanced wheat lines using GE biplot on the base of AMMI method. Pazhoohesh and Sazandegi. 77: 41-48 (In Persian).
2. Aminzadeh, G.R. 2010. Evaluation of seed yield stability of wheat advanced genotypes in Ardabil, Iran. Research Journal of Environmental Sciences. 4: 478-482.
3. Annicchiarico, P. 2002. Defining adaptation strategies and yield stability targets in breeding programmes. In M.S. Kang, ed. Quantitative genetics, genomics, and plant breeding, pp: 365-383, Wallingford, UK, CABI.
4. Arminian, A., M.S. Kang, M. Kozak, S. Houshmand and P. Mathews. 2008. MULTPATH: A Comprehensive Minitab program for computing path coefficients and multiple regression for multivariate analyses. Journal of Crop Improvement. 22: 82-120.
5. Asgarinia, P., Gh.A. Saeidi and A.M. Rezaei. 2009. Analysis of genotype by agronomic environments interaction pattern for grain yield in wheat using multivariate methods. Electronic Jouranl of Crops Production. 2: 75-90 (In Persian).
6. Ben-xun, Y.U., Z. Shi-long, H.E. You-xun and L.U. Yun. 2010. Application of AMMI mode in stability and adaptability evaluation of rice varieties. Guizhou Agricultural Sciences, CNKI Journal. 02. available at: http://en.cnki.com.cn/Journal_en/D-D000-GATE-2010-02. htm
7. Cornelius, P.L. 1993. Statistical tests and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. Crop Science. 33: 1186-1193.
8. Cornelius, P.L., M. Seyedsadr and J. Crossa. 1992. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. Theoretical and Applied Genetics. 84: 161-172.
9. Crossa, J., H.G. Gauch and R.W. Zobel. 1990. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. Crop Science. 30: 493-500.
10. Crossa, J., P.N. Fox, W.H. Pfeiffer, S. Rajaram and H.G. Gauch. 1991. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. Theoretical and Applied Genetics. 81: 27-37.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

11. Dias, C.T.D.S. and W.J. Krzanowski. 2003. Model selection and cross validation in additive main effect and multiplicative interaction models. Crop Sciences. 43: 865-873.

12. Ebdon, J.S. and H.G. Gauch. 2002. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials .II. Cultivar recommendations. Crop Science. 42: 497-506.

13. Gauch, H.G. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. Biometrics. 44: 705-715.

14. Gauch, H.G. 1992. Statistical analysis of regional yield trials; AMMI analysis of factorial designs. Elsevier, New York, New York. 278 pp. Chinese edition 2001, China National Rice Research Institute, Hangzhou, China.

15. Gauch, H.G. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. Crop Science. 46: 1488-1500.

16. Gauch, H.G. and R.E. Furnas. 1991. Statistical analysis of yield trials with MATMODEL. Agronomy Journal. 83: 916-920.

17. Gauch, H.G. and R.W. Zobel. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. Crop Science. 37: 311-326.

18. Gauch, H.G., H.P. Piepho and P. Annicchiarico. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. Crop Science. 48: 866-889.

19. Gollob, H.F. 1968 . A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. Psychometrika. 33: 73-115.

20. Harlan, J.R. 1981. The early history of wheat: Earliest traces to the sack of Rome, pp: 1-19, *in*: Wheat Science Today and Tomorrow (L.T. Evans and W.J. Peacock eds.). Cambridge Univ. Press, Cambridge, UK.

21. Kang, M.S. 1990. Genotype-by-environment interaction and plant breeding. Baton Rouge, LA, Louisiana State Univ., 392 pp.

22. Kang, M.S. 2004. Breeding: Genotype-by-Environment Interaction .*in*: Encyclopedia of Plant and Crop Science. pp: 218-221.

23. Karimi, H. 1992. Wheat. 1st edn. Tehran University Press. 599 pp. (In Persian).

24. Kaya, Y., C. Palta and S. Taner. 2002. Additive main effects and multiplicative interactions analysis of yield performances in bread wheat genotypes across environments. Turkish Journal of Agriculture and Forestry. 26: 275-280.

25. Knox, R.E., J.M. Clarke and R.M. DePauw. 2000. Dicamba and growth condition effects on double haploid production in durum wheat crossed with maize. Plant Breeding. 119: 289-293.

26. Kumar, S., S.S. Hasan, P.K. Singh, D.K. Pandey and J. Singh. 2009. Interpreting the effects of genotype x environment interaction on cane and sugar yields in sugarcane based on the AMMI model. The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding. 69: 225-231.

27. Li, W., Z.H. Yan, Y.M. Wei, X.J. Lan and Y.L. Zheng. 2006. Evaluation of genotype * environment Interactions in chinese spring wheat by the AMMI model, correlation and path Analysis. J. Agronomy and Crop Science. 192: 221-227.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

28. Mesdaghi, M. 2004. Regresion methods for research in agriculture and natural resources. Imam Reza University Press, 290 pp. (In Persian).
29. Mut, Z., N. Aydin, H.O. Bayramoglu and H. Ozcan. 2010. Stability of some quality traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. Journal of Environmental Biology. 31: 489-495.
30. Pacheco, R.M., J.B. Duarte, R. Vencovsky, J.B. Pinheiro and A.B. Oliveira. 2005. Use of supplementary genotypes in AMMI analysis. Theoretical and Applied Genetics. 110: 812-818.
31. Piepho, H.P. 1995. Robustness of statistical tests for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. Theoretical and Applied Genetics. 90: 438-443.
32. Rashidi, W., A. Majidi, S.A. Mohamadi and M.M. Moghadam. 2007. determinig genetic relationship of wheat durum lines using cluster analysis and identification of important traits of each group. Journal of Agriculture Science of Iran. 13: 439-450 (In Persian).
33. Seyedsadr, M. and P.L. Cornelius. 1992. Shifted multiplicative models for nonadditive two-way tables. Communications in Statistics-Simulation and Computation. 21: 807-832.
34. Taghouti, M., F. Gaboun, N. Nsarellah, R. Rhrib, M. El-Haila, M. Kamar, F. Abbad-Andaloussi and S.M. Udupa. 2010. Genotype x Environment interaction for quality traits in durum wheat cultivars adapted to different environments. African Journal of Biotechnology. 9: 3054-3062.
35. Tarakanovas, P. and V. Ruzgas. 2006. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of grain yield of wheat varieties in Lithuania. Agronomy Research. 4: 91-98.
36. Yan, W. and L.A. Hunt. 2001. Interpretation of genotype by environment interaction for winter wheat yield in Ontario. Crop Science. 41: 19-25.
37. Yan, W. and M.S. Kang. 2002. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL. 288 pp.
38. Yan, W., M.S. Kang, B. Ma, S. Woods and P.L. Cornelius. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. Crop Science. 47: 643-653.
39. Zobel, R.W., M.J. Wright and H.G. Gauch. 1988. Statistical analysis of a yield trial. Agronomy Journal. 80: 388-393.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

Additive Main and Multiplicative Interaction Effect in Stability Analysis of Wheat (*Triticum Aestivum* L.) Yield

A. Arminian[1] and S. Houshmand[2]

1- Assistant Professor, Ilam University (Corresponding author)
2- Associate Professor, Shahrekord University

Abstract

This research, was conducted in a population of 103 doubled-haploid (DH) lines, their parents and 5 Iranian local bread wheat cultivars, at three ys (2007-2009) in the field as triple rectangular lattice (10×11) designs. The results of AMMI analysis for grain yield per unit area showed: effects of year, genotype and their interaction effect were significant ($P<0.01$) indicating the significant effect of these factors on grain yield. The first two AMMI scores (IPCA) accounted for all (59.23 and 40.77%, respectively) of genotype-by-environment interaction effect variation, which was of interesting and valuable. The results of cross-validation with FR Cornelius, implied the usefulness of AMMI2 model, by which biplots of genotypes and environments averages plotted related to main components, categorized all genotypes in 3 classes. Furthermore, six superior genotypes selected along all the environments, that could be selected as the parents of crosses in breeding programs.

Keywords: AMMI stability analysis, Grain yield, Bread wheat

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]