برخی روش‌های آماری آزمایشات چند محیطی (مقاله مروری)

Some statistical methods of Multi Environment Trial (Review)

سجاد طلایی
Talaei.s@arc-ordc.ir
کارشناس ارشد اصلاح نباتات، مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

در مراحل پایانی برنامه به‌نژادی ژنوتیپ‌های انتخاب شده به‌طور معمول در شرایط مختلف زمانی و مکانی برای مشخص نمودن میزان پایداری و پاسخ ژنوتیپی مورد آزمایش قرار می‌گیرند. بنابراین به‌نژادگران می‌توانند از وجود سازگاری عمومی با انتخاب ژنوتیپ‌هایی که عملکرد خوبی در بین مناطق جغرافیایی بزرگ یا ابر محیط‌ها دارند بهره‌برداری کنند (Witcombe, 2001).

میزان عملکرد هر رقم در یک ناحیهٔ مشخص تحت تأثیر سه عامل، اثر اصلی ژنوتیپ (G)، اثر اصلی محیط (E) و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط (GE) است. اگرچه عملکرد اندازه‌گیری شده، حاصل ترکیب اثر ژنوتیپ، اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است ولی فقط اثر اصلی ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط با ارزیابی ارقام و شناسایی زیر ناحیه‌ها، قابل تفسیر است. هر کدام از روش‌های تک‌متغیره پارامتری ، ناپارامتری و چند متغیره برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و پایداری در آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد دارای معایب و مزایایی هستند که محقق با توجه به اهداف تحقیق و اطلاع از شرایط مختلف منطقه‌ای می‌تواند از هر کدام از آن‌ها استفاده نماید.

روش‌های تجزیه پایداری براساس تجزیه واریانس

۱- روش‌های تک متغیره

چنانچه آزمایش عملکرد با تعداد G ژنوتیپ و E محیط و r تکرار انجام بگیرد ابتدا از یک مدل کلاسیک برای بررسی واریانس منابع تغییرات استفاده می‌گردد (Fisher, 1918). میانگین مربعات باقیمانده درون محیطی، عبارت است از میزان اشتباه در تخمین میانگین ژنوتیپ‌ها که این خود از عوامل گوناگونی مانند میزان حاصلخیزی خاک، رقابت بین کرت‌های آزمایش، سایه اندازی کرت‌ها بر روی همدیگر و سایر عوامل دیگر تأثیر می‌گیرد. پس از جداسازی اثرات تکرارها، منابع تغییرات ژنوتیپ × محیط به دو جز اثرات جمع‌پذیر و غیر جمع‌پذیر تبدیل می‌شوند.

یکی از بزرگ‌ترین و مهم‌ترین مشکلات روش تجزیه واریانس معمولی ناهمگن بودن واریانس اشتباهات است. اگر واریانس اشتباهات همگن نباشند F تست حاصل از میانگین مربعات بر روی واریانس اشتباه ادغام شده و فاقد اعتبار می‌باشد، از این رو برای آزمون منابع تغییرات از روش وزنی برای برطرف نمودن ناهمگنی استفاده می‌کنند. در روش وزنی مقادیر ژنوتیپ‌های هر محیط بر میزان واریانس اشتباه هر یک از محیط‌ها تقسیم می‌شود (Yates and Cochran, 1938). در این روش، وزن کمتری به محیط‌هایی که باقیمانده میانگین مربعات بالایی دارند داده می‌شود. یکی از معایب روش

وزنی این است، محیط‌هایی که دارای عملکرد بالا هستند ممکن است دارای واریانس اشتباه بیشتری باشند و محیط‌هایی که عملکرد کمتری داشته باشند واریانس کمتری نیز داشته باشند بنابراین موجب پایین‌تری و کاهش میزان دقت و اشتباه در برآورد شدن میزان واقعی عملکرد برخی ژنوتیپ‌ها گردد (Crossa, 1990).

یکی از نواقص مهم تجزیه واریانس معمولی برای آزمایش‌های چند ناحیه‌ای، توجیه نکردن ساختارهای غیرجمع‌پذیر در بین داده‌هایی است که تجزیه واریانس در توجیه الگو ساختاری برای داده‌ها ناقص می‌باشد. الگوی ساختاری ابعادی از داده‌ها است که دارای روند قابل برآورد در محاسبات آماری است و از روش‌های مختلفی قابل پیش‌بینی می‌باشد. ولی الگوی غیرساختاری دارای هیچ روند خاصی نیست و روندی تصادفی دارد و قابل تخمین با استفاده از الگوهای مختلف نمی‌باشد.

اگر داده‌ها فقط با درجه آزادی (e-1) × (g-1) تست شوند ممکن است یک سری اطلاعات ارزشمند درباره داده‌ها از دست برود. از جمله مزایای روش‌های غیرجمع‌پذیر می‌توان به تبدیل داده‌ها به دو قسمت با الگوی ساختاری و نویز یا داده‌های بدون ساختار یا تصادفی اشاره کرد که اطلاعات مفیدتری در اختیار محقق قرار می‌دهد (Crossa, 1990).

۱-۱- واریانس محیطی Romer (1917)

واریانس محیطی رومر (۱۹۱۷) یک شاخص پایداری می‌باشد که واریانس محیطی هر ژنوتیپی را برآورد می‌کند.

$$S_i^2 = \frac{\sum_{j=1}^{q}(X_{ij} - \bar{X}_{i.})}{(q-1)}$$

علامت p برابر با تعداد ژنوتیپ‌ها و علامت q برابر با تعداد محیط‌ها است.

این مفهوم از پایداری برای صفاتی مهم است که میزان آن‌ها به هر قیمت باید ثابت نگه‌داشته شود. صفاتی مانند صفات کیفی نظیر مقاومت به امراض و تنش‌های محیطی مانند مقاومت به سرما و خشکی. اما برای عملکرد، اصلاح‌کننده دنبال یافتن ژنوتیپ‌هایی است که هم عملکرد بالایی داشته باشند و هم پایدار باشند.

۱-۲- روش Plaisted and Petrson (1959)

در این روش ژنوتیپی پایداری بیشتری نشان می‌دهد که مقدار کمتری داشته باشد، به عبارت دیگر ژنوتیپی که سهم کمتری در اثر متقابل ژنوتیپ و محیط دارد پایدارتر است.

$$\overline{\theta i} = \frac{p}{2(p-1)(q-1)} \sum_{j=1}^{q} (Xij - \overline{X}i. - \overline{X}.j + \overline{X}..)2 + \frac{SS(G \times E)}{2(p-1)(q-1)}$$

$$SSG \times E = \sum i \sum j (X_{ij} - \overline{x}_{i.} - \overline{x}_{.j} - \overline{x}_{..})^2$$

در این معادلات xij عبارت است از ارزش ژنوتیپ iام در محیط jام و $\overline{X}i.$ میانگین محیط‌های ژنوتیپ iام، $\overline{X}.j$ میانگین ژنوتیپ‌ها در محیط jام و $\overline{X}..$ میانگین کل ژنوتیپ‌ها در تمامی محیط‌ها است.

۱-۳- واریانس اثر متقابل ژنوتیپ و محیط Peterson (1960)

هر چه مقدار این شاخص بزرگتر باشد، نشان دهنده نقش کوچک‌تر اثر متقابل ژنوتیپ × محیط مورد نظر است. لذا هر چه میزان این شاخص حداکثر باشد ژنوتیپ پایدارتر است (Plaisted, 1960).

$$P_i = \frac{-p}{(p-1)(p-2)(q-1)} \sum_{j=1}^{q} (Xij - \overline{X}i. - \overline{X}.j + \overline{X}..)2 + \frac{SS(GE)}{(p-2)(q-1)}$$

۱-۴-آماره پایدار Wricke (1964)

یکی از روش‌های ساده برای بررسی پایداری عملکرد که مفهوم دینامیکی دارد استفاده از روش اکووالانس ریک می‌باشد. اکووالانس ریک براساس فرمول زیر محاسبه می‌گردد.

$$W_i^2 = \sum_{j=1}^{q}(Xij - \bar{X}i. - \bar{X}.j + \bar{X}..)^2$$

۱-۵- واریانس پایداری Shukla (1972)

در این پارامتر، ژنوتیپی پایدار است که کمترین میزان واریانس یا σ_i^2 را داشته باشد. گاهی موارد این مقدار نیز منفی می‌گردد که می‌توان آن را برابر صفر در نظر گرفت.

$$\sigma_i^2 = \frac{p}{(p-2)(q-1)}\sum_{j=1}^{q}(Xij - \bar{X}i. - \bar{X}.j + \bar{X}..)^2 - \frac{SS(GXE)}{(p-1)(p-2)(q-1)}$$

۱-۶- روش ضریب تغییرات هر ژنوتیپ (CV_i)

این روش اولین بار به‌منظور تعیین پایداری ارقام ذرت استفاده شد.

$$CV_i = (Si/\bar{X}i.)\times 100$$

براساس این روش، ژنوتیپی پایدار است که حداقل مقدار CV_i و حداکثر عملکرد را در بین ژنوتیپ‌های دیگر داشته باشد.

۱-۷- شاخص برتری Lin and Binns (1988)

در این روش، علاوه بر بررسی پایداری، عملکرد بالای هر ژنوتیپ را نیز در نظر می‌گیرند. در این حالت ژنوتیپی پایدار بوده که دارای کمترین میزان شاخص باشد.

$$p_i = [q(\bar{x}i. - \bar{M}..)^2 + (\sum_{j=1}^{q}(x_{ij} - \bar{x}i. - M_{j.} + \bar{M}..)^2]/2q$$

در این آماره مقادیر x_{ij}، $\bar{x}i.$ همان مقادیر تعریف‌شده در ابتدای این مبحث می‌باشند و $M_{j.}$، $\bar{M}..$ به ترتیب برابر با میانگین بیشترین پاسخ ژنوتیپی در کل محیط‌ها و بیشترین مقدار پاسخ در محیط زام است. در این فرمول قسمت اول معادله نشان‌دهنده مجموع مربعات ژنوتیپ و قسمت دوم مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ × محیط می‌باشد. بر طبق این روش هر میزان مقدار P_i کمتر باشد ژنوتیپ دارای پایداری عمومی بالای است.

بر مبنای پارامتر مذکور ژنوتیپ‌هایی که دارای سازگاری عمومی بالایی باشند شناسایی می‌شوند اما اگر ژنوتیپی دارای مقدار P_i بالا نباشد ممکن است دارای سازگاری خصوصی بالای باشد اما با استفاده از این پارامتر حذف می‌شود. برای جلوگیری از این حالت بین هر واریته و بیشترین عملکرد منطقه، یک میانگین مربعات اثر متقابل ژنوتیپ و محیط جفتی به شرح زیر استفاده می‌شود.

$$MS(GE) = \sum_{j=1}^{q}[M_{j.} - \bar{M}.. - (x_{ij} - \bar{x}i.)]^2/2(q-1)$$

اگر MS(GE) کوچک باشد، مقدار P_i معیار برتری خوبی خواهد بود و اگر مقدار MS(GE) بزرگ باشد الگوی پاسخ ژنوتیپ‌ها متفاوت است و لذا استفاده از معیار P_i مناسب نخواهد بود.

۱-۸- روش Finlay and Wilkinson (1963) و Eberhart and Russell (1966)

براساس این دو مدل ژنوتیپ زمانی پایدار است که قدر مطلق مقادیر b_i و S^2_{di} آن کمترین مقدار باشد (Eberhart and Russell, 1966). مدل‌های پارامتری که براساس تجزیه رگرسیون می‌باشند بیشترین کاربرد

را در مشخص نمودن ژنوتیپ‌های پایدار داشته‌اند (Scapim *et al.*, 2000).

برای محاسبه ضریب رگرسیون و انحراف ضریب رگرسیون از معادلات زیر استفاده می‌نمایند.

$$b_i=\frac{\sum_{j=1}^{q}(X_{ij}-\overline{X}..)(\overline{X}.j-\overline{X}..)}{\sum_{j=1}^{q}(\overline{X}.j-\overline{X}..)2}$$

اگر از شاخص محیطی ($I_j=(\overline{X}.j-\overline{X}..)$) در فرمول استفاده شود، فرمول بالا به‌صورت زیر تغییر می‌کند:

$$b_i=\frac{\sum_{j=1}^{q}X_{ij}I_j}{\sum_{j=1}^{q}I_j^2}$$

$$s^2_{di}=\frac{\left[\sum_{j=1}^{q}(X_{ij}-\overline{X}i.)2-b_i^2\sum_{j=1}^{q}(\overline{X}.j-\overline{X}..)2\right]}{q-2}$$

۱-۹- روش رگرسیون Perkins and Jinks (1968)

این روش مشابه همان روش رگرسیون ابرهارت و راسل می‌باشد با این تفاوت که در روش ابرهارت و راسل، رگرسیون داده‌های اصلی هر ژنوتیپ × محیط بر روی شاخص محیطی محاسبه می‌شود، ولی در روش پرکینز و جینکز، رگرسیون اثرات متقابل ژنوتیپ × محیط هر ژنوتیپ بر روی شاخص محیطی محاسبه می‌گردد. دو پارامتر ضریب رگرسیون و انحراف از ضریب رگرسیون نیز در این روش محاسبه می‌شوند. تفاوت دیگری که این روش با روش ابرهارت و راسل دارد این است که اگر در روش ابرهارت و راسل ضریب رگرسیون، b=1 گردد پایداری ژنوتیپ بالاست ولی در این روش اگر ضریب رگرسیون برابر با b=0 باشد ژنوتیپ پایدار است. در این روش ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌هایی که دارای ضریب رگرسیون بالاتر از صفر باشد برای محیط‌های با پتانسیل عملکرد بالا قابل پیشنهاد هستند و ژنوتیپ‌هایی که دارای ضریب رگرسیون کمتر از صفر باشند برای محیط‌های با پتانسیل عملکرد پایین توصیه می‌شوند. همچنین در این روش، مشابه روش ابرهارت و راسل اگر انحراف از رگرسیون ژنوتیپ‌ها محاسبه می‌گردد و ژنوتیپ‌هایی که مقدار انحراف از رگرسیون آن‌ها کم باشد (نزدیک به صفر) پایدارتر می‌باشند.

$$\beta_i=\frac{\sum_{j=1}^{q}(Xij-\overline{X}i.-\overline{X}.j+\overline{X}..)(\overline{X}.j-\overline{X}..)}{\sum_{j}(\overline{X}.j-\overline{X}..)2}a$$

۱-۱۰- روش رگرسیون مستقل Freeman and Perkin (1971)

در روش‌های قبلی مانند روش ابرهارت و راسل (۱۹۶۶) و پرکینز و جینکز (۱۹۶۸) رگرسیون میانگین تکرارها بر روی شاخص محیطی و یا اثر متقابل بر روی شاخص محیطی محاسبه می‌شود، که در آنها شاخص محیطی از مقادیر ژنوتیپ‌ها در محیط‌ها مستقل نیست اما در روش پیشنهادی پرکینز و فریمن (۱۹۷۱) تکرارها به دو گروه تقسیم می‌شوند به طوری که شاخص محیطی از روی یکی از تکرارها محاسبه می‌گردد و مقادیر میانگین ژنوتیپ‌ها از روی دو یا چند تکراری که در محاسبه شاخص محیطی وجود نداشته‌اند محاسبه می‌شوند. در معادلات زیر شاخص محیطی را Z تعریف می‌کنند و حالت‌های مختلفی برای محاسبه این روش رگرسیون وجود دارد. یکی از تکرارها Z_1 را محاسبه و از تکرار دو و سه میانگین ژنوتیپ‌ها برآورد می‌شود و یا روش‌های دیگری که تکرارها در محاسبه مقادیر Z و میانگین ژنوتیپ‌ها جابجا می‌شوند.

$$b_i = \frac{\sum_j Y_{ij} Z_j}{Z_j}$$

$$Z_j = \overline{X}.j - \overline{X}$$

برای محاسبه $\overline{X}.j$ و $\overline{X}$.. در این روش تنها از یک تکرار استفاده می‌شود.

۱-۱۱- روش شاخص برتری (Di)

براساس این روش در تعیین ژنوتیپ‌های پایدار، هم از عملکرد ژنوتیپ و هم از ضریب رگرسیون استفاده می‌گردد. در این روش، ژنوتیپ‌هایی به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار معرفی می‌شوند که شاخص برتری (Di) آن‌ها مقادیر بالاتری داشته باشد.

شاخص برتری (Di) از طریق فرمول زیر محاسبه می‌شود (Hernandez *et al.*, 1993):

$$Di = \overline{Y}i. + (bi)C1$$

که C_1 از طریق فرمول زیر قابل محاسبه است:

$$C_1 = \frac{(I_b + I_a)}{2}$$

در این معادله $\overline{Y_{i.}}$ و bi به ترتیب میانگین عملکرد و ضریب رگرسیون واریته می‌باشد و I_a و I_b به ترتیب حداقل و حداکثر شاخص‌های محیطی است. شاخص پایداری ژنوتیپ استاندارد (پایدار) که دارای ضریب رگرسیون یک می‌باشد به صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$Ds = \overline{Y}.. + C1$$

که $\overline{Y}..$ میانگین کل همه آزمایش‌ها می‌باشد.

۱-۱۲- پایداری ژنوتیپی Hanson (1970)

این آماره با استفاده از روش تجزیه رگرسیونی حاصل می‌شود چون در این روش از کمترین ضریب رگرسیون روش ابرهارت و راسل (۱۹۶۶) برای محاسبه پایداری ژنوتیپی (D_i^2) استفاده می‌شود. براساس این روش هرچقدر مقدار D_i^2 کمتر باشد، پایداری ژنوتیپ بیشتر خواهد بود.

۱-۱۳- رگرسیون Tai (1971)

در سال ۱۹۷۱ تای یک روش تجزیه رگرسیونی ارائه نمود که از اصل روابط ساختاری، پیروی می‌کرد. این روش بیشتر بر مبنای امید ریاضی منابع تغییرات بود. در این روش بررسی عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف از طریق اثرات ژنوتیپی انجام می‌گیرد ولی در روش رگرسیون ابرهارت و راسل از اثرات فنوتیپی استفاده گردیده است. به عبارت دیگر در روش رگرسیون تای همان روش رگرسیونی ابرهارت و راسل می‌باشد با این تفاوت از یک وزنی که بر مبنای امید ریاضی داده‌هاست پارامترهای رگرسیونی ابرهارت و راسل تصحیح گردیده و پارامترهای رگرسیونی تای به دست می‌آیند. دو پارامتر α و λ در رگرسیون تای اهمیت زیادی در توجیه اثر متقابل ژنوتیپ × محیط دارند که پارامتر α بیانگر ضریب رگرسیون و مناسب‌ترین مقدار این پارامتر برای بررسی اثر متقابل بایستی ۱- و متوسط آن صفر باشد و پارامتر λ که بیانگر انحراف از خط رگرسیون می‌باشد، بهترین مقدار آن بایستی ۱ گردد. چنانچه ژنوتیپی دارای ضریب رگرسیون ۱- و انحراف از رگرسیون آن ۱ باشد پایداری آن ژنوتیپ کامل می‌باشد. همچنین اگر ژنوتیپی ضریب رگرسیون ۰ و انحراف ۱ داشته باشد پایداری متوسطی از خود نشان خواهد داد. همچنین با استفاده از روش رگرسیونی تای یک نمودار هذلولی شکل ترسیم می‌گردد که قابلیت تفکیک ژنوتیپ‌های با پایداری بالا و پایین را دارا است.

روابطی که رگرسیون تای را تشکیل می‌دهند عبارتند از:

$$\alpha_i = \frac{(\sum_j \varepsilon_j (ge)_{ij} / (q-1))}{(msl - msb)/(pr)}$$

$$\lambda_i = \frac{(\sum_j ge_{ij}^2 / (q-1)) - \alpha_i (\sum_j \varepsilon_j ge_{ij}) / (q-1)}{(p-1)MSE / pr}$$

در این روابط:

$$g_i = \bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..}$$
$$\varepsilon_j = \bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..}$$

msl = واریانس اثرات محیطی، msb = واریانس تکرار درون محیط‌ها و Mse واریانس اشتباه می‌باشد.

۱-۱۴- ضریب تشخیص

ضریب تشخیص یا تبیین روابط رگرسیونی می‌تواند برای بررسی پایداری بکار رود و کفایت مدل رگرسیونی ابرهارت و راسل (۱۹۶۶)را مشخص نماید. استفاده از ضریب تبیین برای تعیین ژنوتیپ‌های پایدار در آزمایش‌ها ناحیه‌ای عملکرد توسط پینتوس پیشنهاد گردید (Pinthus, 1973)

$$R_i^2 = SS(REG)_i / SS(TOTAL)_i$$

مزیت عمده این روش این است که فاقد واحد اندازه‌گیری است و واحد اندازه‌گیری در آن تأثیری ندارد. براساس این روش ژنوتیپ‌های پایدار دارای حداکثر میزان ضریب تبیین می‌باشند. این مدل گرچه مزایای مربوط به خود را دارا است اما به‌تنهایی قادر به تشخیص ژنوتیپ‌های برتر یا پایدار نیست. زیرا نسبت توجیه مدل رگرسیونی را به محقق نشان می‌دهد و هیچ‌گونه روند خاصی را توجیه نمی‌نماید.

۲- روش‌های تعیین پایداری مبتنی بر آمار چند متغیره

در تجزیه مرکب فقط آثار متقابل جمع‌پذیر برآورد می‌گردد، به همین دلیل محققان دنبال روش‌های بوده‌اند که از اثرات ضرب‌پذیر هم استفاده شود. از جمله روش‌های ضرب‌پذیر چند متغیره می‌توان به PCA و AMMI نام برد.

روش‌های چند متغیره دارای چندین مزیت می‌باشند:

۱. جدا کردن داده‌های نویز (باقیمانده) که دارای یک نظم غیر سیستماتیک هستند از داده‌ها که دارای یک‌روند خاص و سیستماتیک هستند.

۲. خلاصه کردن داده‌ها در ابعاد کوچک‌تر و تفسیر براساس آن‌ها

۳. نشان دادن یک ساختار برای داده‌ها (Crossa, 1990) در ضمن برخلاف روش‌های کلاسیک روش‌های چند متغیره ساختار درونی داده‌ها را به وضوح نشان داده و بیان می‌دارد که کدام روش آماری برای آزمون داده‌ها موردنیاز است (Gauch, 1982).

از روش‌های چند متغیره، روش تجزیه خوشه‌ای، روش تجزیه به مختصات اصلی، روش AMMI، روش GREG و روش GGE biplot یا رگرسیون مکانی (SREG) در این مطالعه استفاده‌شده است.

۲-۱- روش AMMI

یکی از معایب روش تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA) این است که در مدل آن فقط اثرات ضرب پذیر موردتوجه قرار می‌گیرند و اثرات جمع‌پذیر لحاظ نمی‌شوند. بنابراین اثرات جمع‌پذیر از اثرات ضربی جدا نشده و این دو اثر با هم اختلاط می‌یابند. علاوه بر این اثرات ضرب‌پذیر یا اثرات متقابل نیز حاصل از مدل

جمع‌پذیر است، پس اثرات متقابل به‌خوبی تفسیر نمی‌شوند چون اثرات جمع‌پذیر تفسیر نشده‌اند. برای حل این مشکلات کمپتون (۱۹۸۴) از روش AMMI در تجزیه داده‌های حاصل از عملکرد استفاده کرد (Kempton, 1984).

روش AMMI مبتنی بر اجزای جمع و ضرب‌پذیر می‌باشد. این مدل یک مدل تشخیصی است، به عبارت دیگر این مدل یک مدل مناسب برای تجزیه‌های اولیه تجزیه مرکب است، زیرا این مدل، به‌عنوان یک ابزار تحلیلی، قادر به تشخیص بهترین نوع تجزیه و تحلیل برای مجموعه داده‌ها می‌باشد. مدل AMMI بیان ساختار اثر متقابل ژنوتیپ × محیط است.

این مدل در واقع خلاصه نمودن مجموع داده‌ها در یک الگوی ساختاری و جداسازی آن از مقدار نویز است و ویژگی سوم AMMI عبارت است از تخمین بهتر میزان عملکرد، از طریق اعتبار سنجی روایی که معادل با افزایش تکرار در آزمایش‌ها می‌باشد و راندمان انتخاب ژنوتیپ یا ژنوتیپ‌ها را افزایش می‌دهد(Crossa, 1990).

در مدل AMMI ابتدا اثرات اصلی جمع‌پذیر ژنوتیپ و محیط با تجزیه واریانس و سپس با تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مقدار باقی‌مانده مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد. مدل آماری AMMI به شرح زیر می‌باشد

$$y_{ij}=\mu+g_i+e_j+\sum_{k=1}^{N}\lambda_k\alpha_{ik}\gamma_{jk}+\varepsilon_{ij}$$

در این مدل y_{ij}، میانگین تکرارهای ژنوتیپ iام در محیط jام، g_i و e_j، به ترتیب انحرافات اثرات ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها از میانگین، λ_k، مقدار منفرد برای مؤلفه nام، α_{ik}، مقادیر ویژه بردار ژنوتیپی مؤلفه nام و γ_{jk}، مقادیر ویژه بردار محیطی مؤلفه nام و ε_{ij} مقادیر باقیمانده که در مدل باقی می‌ماند است.

پارامترهای پایداری مدل AMMI

از چندین پارامتر AMMI برای پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود، SIPC یا مجموع مقادیر ویژه مؤلفه‌های باقیمانده در مدل، EV یا میانگین مربعات بردار مؤلفه‌ها برای هر ژنوتیپ و AMGE جمع مقادیر ویژه ژنوتیپ در محیط تعداد مؤلفه‌های باقیمانده در مدل می‌باشد (Sneller *et al.*, 1997). در سال ۱۹۹۷ پارچیس یک معیار معتبر پایداری را با استفاده از مدل AMMI برای پایداری ژنوتیپ‌ها ارائه نمود، که آن را ارزش پایداری ASV(AMMI) می‌نامند و در آن از دو مؤلفه اول AMMI برای این روش استفاده می‌گردد. همچنین از دو پارامتر D که بیانگر فاصله اقلیدسی و قدر مطلق اولین مؤلفه اصلی اثر متقابل است استفاده شده است.

$$EV=\sum_{k=1}^{N}\alpha_{in}^2$$

$$SIPC=\sum_{k=1}^{N}\left|\lambda_k^{0.5}\alpha_{ik}\right|$$

$$AMGE=\sum_{k=1}^{N}\sum_{j=1}^{E}\lambda_K\alpha_{ik}\gamma_{jk}$$

$$D=\left[\sum(\lambda_k\alpha_{in})^2\right]^{0.5}$$

$$ASV=\sqrt{\frac{SS_{IPCA1}}{SS_{IPSA2}}(GSIPCA1)^2+(GSIPCA2)^2}$$

که GSIPC1 و GSIPC2 مقادیر ویژه ژنوتیپی مؤلفه اول و دوم می‌باشند.

مزایای مدل AMMI

- فهم بهتری از اثرات متقابل مؤلفه‌های ضربی می‌دهد.
- با کاهش مقدار نویز برآورد دقیق‌تری از عملکرد ارائه می‌شود.
- باعث بهبود و موفقیت بیشتر در گزینش مواد اصلاحی می‌گردد.
- برآورد بهتری از داده‌های از دست رفته می‌دهد.
- در آزمایش‌های به‌نژادی که تعداد تکرارها کم است مثل آزمایش دورگ‌های ذرت بازده ژنتیکی بیشتری از روش‌های رایج در مدت‌زمان کمتری به‌دست می‌آید که در اصلاح نباتات خیلی مهم است.

۲-۲- روش GGE biplot

بای‌پلات روشی است که ابتدا توسط گابریل (۱۹۷۱) ابداع و توضیح داده شد (Gabriel, 1971) سپس توسط کمپتون (۱۹۸۴) و زوبل و همکاران (۱۹۸۸) گسترش یافت (Kempton, 1984; Zobel *et al.*,1988). روش GGE biplot نیز توسط یان و همکاران (۲۰۰۱) برای ترسیم گرافیکی روابط ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها بکار گرفته شد (Yan *et al.*, 2001). مفهوم GGE، از اثرات اصلی ژنوتیپ و اثرات متقابل ژنوتیپ و محیط گرفته می‌شود و قسمت ضرب‌پذیر مدل رگرسیون مکانی(SREG) را تشکیل می‌دهد. روش GGE biplot به به‌نژادگر این امکان را می‌دهد که یک تصویر از روابط بین ژنوتیپ و محیط‌ها را مجسم کند و براساس نمودار گرافیکی که با استفاده از نرم‌افزار GGE biplot ترسیم می‌شود به قضاوت پرداخته و ژنوتیپ‌های مطلوب را برای ابرمحیط‌های مختلف انتخاب نماید. همچنین با استفاده از این روش می‌توان ژنوتیپ پایدار را مشخص نمود. با استفاده از GGE biplot می‌توان به اهداف ذیل رسید.

۲-۳- تجزیه به مختصات اصلی

استفاده از تجزیه به مختصات اصلی برای بررسی پایداری، ابتدا توسط وستکات (۱۹۸۷) پیشنهاد شد (Westcott, 1987) و سپس توسط کراسا (۱۹۸۸) بکار گرفته شد (Crossa, 1988). این روش را گاهی اوقات روش مقیاس‌بندی کلاسیکی گویند. روش تجزیه به مختصات اصلی یک روش مقیاس‌دهی چندبعدی یا یک تکنیک دسته‌بندی است که ساختار داده‌های اصلی را در ابعاد کمتر به صورت هندسی به تصویر می‌کشد (Gordon, 1980). فاصله بین نقاط در یک نمودار با ابعاد کمتر نشان‌دهنده فاصله کمتر بین داده‌های اصلی و یا ارتباط بیشتر بین داده‌های اصلی است. شباهت بین اجزا و عدم شباهت آن‌ها با استفاده از فاصله بین نقاط در نمودار نشان داده می‌شود. تجزیه مختصات اصلی در واقع حالت تعمیم‌یافته تجزیه مؤلفه‌های اصلی است که در آن از شباهت بین افراد استفاده می‌شود. اهداف و محدودیت‌های تجزیه مختصات اصلی شبیه تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است. به‌منظور کنترل اثر متقابل ژنوتیپ × محیط و نیز روش‌های حذف اثرات محیطی از روش تجزیه به مختصات اصلی استفاده شده است.

مزایای روش تجزیه به مختصات اصلی برای مطالعه و تفسیر اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است.

روش تجزیه به مختصات اصلی دارای مزیت‌هایی به شرح زیر است:

- برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در مناطق پر محصول و کم محصول مفید می‌باشد.

- این روش بستگی به تعداد ژنوتیپ‌های موجود در آزمایش ندارد.

- به‌منظور شناسایی ارقام پایدار از روش‌های گرافیکی استفاده می‌شود.

روش تجزیه به مختصات اصلی از روش‌های هندسی به شمار می‌رود. هدف اصلی از این روش‌ها آن است که هر ژنوتیپ و یا محیط توسط نقطه‌ای در فضای اقلیدسی نمایش داده می‌شود و لذا ژنوتیپ‌هایی که دارای شباهت بیشتری به یکدیگر هستند نزدیک هم قرار می‌گیرند.

۲-۴- تجزیه خوشه‌ای

از جمله روش‌های چند متغیره که برای تعیین پایداری ارقام به‌وفور استفاده می‌شود می‌توان به تجزیه خوشه‌ای اشاره نمود. روش تجزیه خوشه‌ای به‌طور معمول برای n فرد و با p صفت بکار برده می‌شود. برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ × محیط با استفاده از تجزیه خوشه‌ای ساختار دوطرفه داده‌هایی که دارای اثر متقابل می‌باشند را می‌توان به‌صورت زیرگروه‌هایی همگن گروه‌بندی نمود. برای گروه‌بندی داده‌ها روش‌های مختلفی وجود دارد اما یکی از بهترین روش‌ها می‌تواند تجزیه خوشه‌ای باشد. در روش تجزیه خوشه‌ای ابتدا با استفاده از روش‌های مختلف، فواصل اقلیدسی گروه‌ها را مشخص و سپس عملیات خوشه‌بندی را انجام می‌دهند. اولین بار هنسون روش تجزیه خوشه‌ای را برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها پیشنهاد نمود (Hanson, 1970).

$$d_{ii'} = \sum_{j=1}^{q}\left[(x_{ij} - \bar{x}_{i.}) - (x_{i'j} - \bar{x}_{i'.})\right]^2 / q$$

پس از آن، روش‌های مختلفی برای محاسبه فاصله اقلیدسی ژنوتیپ‌ها، توسط محققان دیگر ارائه گردید. یک روش تجزیه خوشه‌ای توسط فاکس و روسیول به شرح زیر پیشنهاد شده است (Fox and Rosielle, 1982):

$$d_{ii'} = \sum_{j=1}^{q}\left([x_{ij} - \bar{x}_{i.}) / S_i - (x_{i'j} - \bar{x}_{i'.}) / S_i\right]^2$$

با توجه به معایب و محدودیت‌های فواصل اقلیدوسی ذکر شده، فاصله استاندارد شده توسط ابوعلی‌فتوح به شرح زیر می‌باشد (Abou-El-Fittouh *et al.*, 1969 in Lin *et al.*, 1986).

$$d_{ii'} = \sum_{j=1}^{q}\left([x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}) / W_i - (x_{i'j} - \bar{x}_{i'.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..}) / W_i\right]^2$$

$$W_i = \sum_{j=1}^{q}(x_{ij} - \bar{x}_{i.} - \bar{x}_{.j} + \bar{x}_{..})^2$$

در سال ۱۹۷۵ لین و تامپسون برای تجزیه خوشه‌ای داده‌های جدول دوطرفه ژنوتیپ × محیط، فواصل اقلیدسی به‌دست آمده از روش رگرسیون را پیشنهاد دادند که در این روش‌ها ژنوتیپ‌ها براساس شباهت شیب خط رگرسیون و عرض از مبدأ گروه‌بندی می‌شدند (Lin and Thompson, 1975). روش لین و تامپسون بعدها توسط لین و باتلر (۱۹۹۰) توسعه پیدا کرد (Lin and Butle, 1990). لین و باتلر علاوه بر تجزیه خوشه‌ای براساس فواصل به‌دست آمده از روش رگرسیون که مبتنی برشباهت شیب خط رگرسیون و عرض از مبدأ می‌باشند، سه روش دیگر تجزیه خوشه‌ای را پیشنهاد نمودند که عبارت بودند از تجزیه براساس فواصل اقلیدسی به‌دست آمده از انحراف از خط رگرسیون، اثر متقابل ژنوتیپ در محیط زیرگروه‌ها و اثر متقابل ژنوتیپ و ژنوتیپ، که اثر متقابل از تجزیه واریانس ژنوتیپ‌های هر گروه به‌دست می‌آید.

۳- بررسی پایداری با استفاده از روش‌های ناپارامتری

روش‌های پارامتری، روش‌های مرسوم آماری هستند که با مشخص بودن توزیع احتمال یک متغیر تصادفی در مورد ویژگی‌های جامعه مورد بررسی برآوردهایی انجام می‌دهند. به‌عبارت‌دیگر زمانی که توزیع متغیرهای مورد مطالعه مشخص باشد می‌توان پارامترهای جامعه را استنباط کرد. این شاخه مهم از آمار را آمار پارامتری گویند و در مقابل آن آمار ناپارامتری وجود دارد که از توزیع خاصی پیروی نمی‌کند. اصطلاح ناپارامتری برای اولین بار در سال ۱۹۴۲ در رساله دکتری یک آماردان بکار رفت. در آمار ناپارامتری نمونه‌های اخذ شده از جامعه به‌صورت صعودی مرتب شده و به آن‌ها رتبه داده می‌شود و پس از این کار سایر معیارهای مورد نیاز از طریق این رتبه‌ها به‌دست می‌آید.

کاربرد و محاسبه معیارهای ناپارامتری پایداری، آسان بوده و تفسیر آن‌ها به‌راحتی امکان‌پذیر است. بنا به این دلایل و موارد دیگری که ذکر خواهد شد توسعه و گسترش معیارهای ناپارامتری در سال‌های اخیر گسترده بوده است و معیارهای متعدد ناپارامتری توسط محققین متفاوتی پیشنهاد شده است. معیارهای ناپارامتری حساسیت چندانی به اشتباهات ناشی از اندازه‌گیری ندارند و صادق بودن مفروضات اولیه تجزیه واریانس در مورد آن‌ها الزامی نیست. مفروضات اولیه برای استفاده از روش‌های پارامتری شامل نرمال بودن داده‌ها، همگنی واریانس باقی‌مانده‌ها، عدم وجود داده‌های پرت و جمع‌پذیر بودن اثرات اصلی است.

روش‌های ناپارامتری دارای برخی معایب نظیر عدم مشخص شدن اختلافات نسبی در عملکرد ژنوتیپ‌ها است به‌عبارت‌دیگر میزان اختلافات و بزرگی آن‌ها را نمی‌توان با این آماره‌ها مشخص نمود.

در سال ۱۹۸۸ روش‌های ناپارامتری مجموع رتبه کنگ (Kang, 1988) و معیار برتری ناپارامتری فوکس (Fox *et al.*, 1990) نیز در سال ۱۹۹۰ ارائه گردید. در سال ۱۹۹۵ نیز روش‌های ناپارامتری تنارازو نیز ارائه شد (Thennarasu, 1995; Prabhakaran, 2000).

تنارازو در رساله دکتری خود با تأکید بر این‌که رتبه یک ژنوتیپ در یک محیط نابایستی براساس ارزش فنوتیپی مشاهده‌شده آن باشد پیشنهاد کرد که برای حذف اثر ژنوتیپی از عملکرد مشاهده‌شده، ابتدا عملکرد هر ژنوتیپ تصحیح‌شده و سپس از روش‌های ناپارامتری برای تعیین پایداری استفاده شود (Thennarasu, 1995; Prabhakaran, 2000).

برخی از مزیت‌های بررسی اثر متقابل با استفاده از روش‌های آماری ناپارامتری عبارتند از:

- نداشتن حساسیت بالا به میزان اشتباه آزمایشی و تأثیر زیاد حذف یا اضافه شدن یک یا چندین نمونه بر میزان واریانس
- از دیگر محاسن این روش قابلیت تفسیر ساده‌تر این روش‌ها نسبت به روش‌های پارامتری است (Nassar and Hühn, 1987). در روش‌های ناپارامتری به‌جای عملکرد ژنوتیپ × محیط از رتبه عملکرد آن استفاده می‌شود.

از آماره‌های ناپارامتری متعددی برای برآورد کردن اثر متقابل ژنوتیپ × محیط استفاده می‌گردد که به‌اجمال در ادامه مطلب توضیح داده می‌شوند.

۳-۱- روش‌های ناپارامتری Nassar and Huhn (1987)

اولین مرتبه هان (۱۹۷۹) و نصار و هان (۱۹۸۷) روش‌های ناپارامتری را برای بررسی پایداری عملکرد استفاده نمودند. در این روش ابتدا داده‌های عملکرد در یک جدول دوطرفه ژنوتیپ × محیط آورده می‌شوند. سپس به هر یک از آن‌ها یک رتبه (r_{ij}) داده می‌شود. میانگین رتبه ژنوتیپ در محیط را با $\bar{r}_{i.}$ یا $\bar{r}^{*}_{i.}$ نشان می‌دهند همچنین r_{ij} و r^{*}_{ij} را رتبه تصحیح نشده و تصحیح شده می‌نامند که $r^{*}ij$ رتبه‌ای است که از داده تصحیح شده با استفاده از رابطه زیر به‌دست می‌آید.

$$\left(x^{*}_{ij} = x_{ijk} - \bar{x}_{i.} + \bar{x}_{..}\right)$$

که $\bar{X}_{..}$ برابر است با میانگین همه ژنوتیپ‌ها در تمامی محیط‌ها می‌باشد.

میانگین اختلافات رتبه ($S_i^{(1)}$) پارامتری است که برای یک ژنوتیپ معین مقدار میانگین اختلافات ناشی از رتبه ژنوتیپ در تمامی محیط‌ها را اندازه می‌گیرد (Huhn, 1979). این معیار مفهوم مشابه واریانس محیطی دارد و مشابه آن پایداری بیولوژیکی را نشان می‌دهد. واریانس رتبه ($S_i^{(2)}$) پارامتری است که واریانس را برای رتبه‌های یک ژنوتیپ در محیط‌های مورد آزمایش نشان می‌دهد (Nassar and Huhn, 1987; Huhn and Nassar, 1989) و معیار $S_i^{(3)}$ دارای ماهیت نسبت است و علاوه بر پایداری، عملکرد ژنوتیپ‌ها را نیز می‌رساند به عبارت دیگر انتخاب براساس این پارامتر موجب انتخاب ارقام پایدار با عملکرد بالا می‌شود (Nassar and Huhn, 1987; Huhn and Nassar, 1989). ماهیت پایداری آماری $S_i^{(6)}$ نیز مشابه $S_i^{(3)}$ می‌باشد ولی نحوه محاسبه آن متفاوت است (Huhn, 1979).

$$S_i^{(1)} = 2\sum_{j}^{n-1}\sum_{j'=j+1}^{n}\left|r^{*}_{ij} - r^{*}_{ij'}\right| / [n(n-1)]$$

$$S_i^{(2)} = \sum_{j=1}^{n}(r^{*}_{ij} - \bar{r}^{*}_{i.})^2 / (n-1)$$

$$S_i^{(3)} = \frac{\sum_{j=1}^{n}(r_{ij} - \bar{r}_{i.})^2}{\bar{r}_{i.}}$$

$$S_i^{(6)} = \frac{\sum_{j=1}^{n}\left| r_{ij} - \bar{r}_{i.}\right|}{\bar{r}_{i.}}$$

در این فرمول‌ها n برابر با تعداد محیط است، rij و $\bar{r}_{i.}$ برابر با رتبه و میانگین رتبه عملکرد تصحیح نشده است و r^{*}_{ij} و $\bar{r}^{*}_{i.}$ برابر با رتبه و میانگین رتبه تصحیح شده است.

۳-۲- معیارهای ناپارامتری Thennarasu (1995)

در این معیارها رتبه هر ژنوتیپ براساس رتبه فنوتیپی آن اندازه‌گیری نمی‌شود زیرا رتبه هر ژنوتیپی مستقل از اثرات فنوتیپی است.

بنابراین رتبه ژنوتیپ iام در محیط jام براساس فنوتیپ تصحیح شده یعنی ($X^{*}_{ij} = X_{ijk} - \bar{X}_{i.} + \bar{X}_{..}$) می‌باشد که رتبه بدست آمده از فنوتیپ تصحیح شده به مقدار اثرات ژنوتیپی بستگی دارد.

$$NP_i^{(1)} = \frac{1}{n}\sum_{J=1}^{n}\left|r^{*}_{ij} - M^{*}_{di}\right|$$

$$NP_i^{(2)} = \frac{1}{n}\left[\sum_{J=1}^{n}\left|r^{*}_{ij} - M^{*}_{di}\right| / M_{di}\right]$$

$$NP_i^{(3)} = \frac{\sqrt{\sum\left(r^{*}_{ij} - \bar{r}^{*}_{i.}\right)^2 / n}}{\bar{r}_{i.}}$$

$$NP_i^{(4)} = \frac{2}{n(n-1)}\left[\sum_{j=1}^{n-1}\sum_{[j'=j+1]}^{n}\left|r^{*}_{ij} - r^{*}_{ij'}\right| / \bar{r}_{i.}\right]$$

در این فرمول‌ها، X_{ij} مقدار عملکرد مشاهده‌شده X^*_{ij} مقدار عملکرد تصحیح‌شده r^*_{ij} رتبه عملکرد تصحیح‌شده M_{di} و $\bar{r}_{i.}$ میانه و میانگین رتبه‌های تصحیح نشده ژنوتیپ iام است و M^*_{di} و $\bar{r}^*_{i.}$ نیز میانه و میانگین رتبه‌های تصحیح شده ژنوتیپ iام است.

ماهیت پایداری آماری نیز مشابه می‌باشد ولی نحوه محاسبه آن متفاوت است (Huhn, 1979). روش‌های ناپارامتری دارای یک سری از معایب نیز می‌باشند که مهم‌ترین آن‌ها عدم مشخص شدن اختلافات نسبی در عملکرد ژنوتیپ‌ها می‌باشد به عبارت دیگر میزان اختلافات و بزرگی آن‌ها را نمی‌توان مشخص نمود. روش‌های ناپارامتری مجموع رتبه کنگ در سال ۱۹۸۸ و معیار برتری ناپارامتری فوکس نیز در سال ۱۹۹۰ ارائه گردید (Kang, 1988; Fox *et al.*, 1990). در سال ۱۹۹۵ نیز روش‌های ناپارامتری تنارازو ارائه شد (Thennarasu, 1995 in Hanuman and Prabhakaran, 2000). تنارازو در رساله دکتری خود با تأکید بر این‌که رتبه یک ژنوتیپ در یک محیط نبایستی براساس ارزش فنوتیپی مشاهده‌شده آن باشد پیشنهاد کرد که برای حذف اثر ژنوتیپی از عملکرد مشاهده‌شده، ابتدا عملکرد هر ژنوتیپ تصحیح شده، سپس از روش‌های ناپارامتری برای تعیین پایداری استفاده گردد (Thennarasu, 1995, Prabhakaran, 2000).

۳-۳- معیار برتری ناپارامتری

معیار ناپارامتری دیگری بنام معیار برتری وجود دارد. در این روش رتبه‌بندی براساس عملکرد ژنوتیپ‌ها در هر مکان صورت می‌گیرد و سپس براساس درصد قرارگیری ژنوتیپ‌ها در بالا، متوسط و پایین معیارهای Top، Mid و Low توصیف می‌گردد (Fox *et al.*, 1990). هر چه میزان آماره Top یک ژنوتیپ بیشتر باشد پایدارتر است.

۳-۴- مجموع رتبه

معیار مجموع رتبه کنگ یک معیار ناپارامتری است که از واریانس پایداری شوکلا نیز استفاده می‌کند. مجموع رتبه حاصل از میانگین عملکرد ژنوتیپ‌ها و رتبه حاصل از واریانس پایداری شوکلا را مجموع رتبه گویند (Kang, 1988). مقدار پایین این آماره، معرف پایداری خوب و مطلوبیت بیشتر ژنوتیپ‌ها است.

منابع:

Crossa, J. (1988). A comparison of results obtained with twomethods for assessing yield stability. Theoretical & Applied Genetics, **75**:460-467.

Crossa, J., (1990). Statistical analysis of multilocational trials. Advance in Agronomy, 44:55-85.

Eberhart, S. A. & Russell, W. A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. Crop Science, **6:** 36-40.

Fisher, R.A. (1918) The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. Transactions Royal Society of Edinburgh, 52**:** 399-433.

Fox, P. & Rosielle, A. (1982). Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant breeding environments. Euphytica, 31: 645-656 .

Freeman, G.H. & Perkins, J. M. (1971). Environmental and genotype environmental components of variability VIII. Relation between genotypes grown in different environments and masures of these environments. Heredity, 27: 15-23.

Gabriel, K.R. (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometrika, 58: 453-467.

Gordon, A.D., (1980). Classification. Chapman and Hall, London. Hanounik, S.B. and Bisri, M. 1991. Status of diseases of faba beans in the Mediterranean region and their control. In: (eds). J.I. Cubero and M.C. Saxena, Present status and future prospects of faba bean production and improvement in the Mediterranean countries. CIHEAM/IAMZ, Zaragoza, Spain, pp. 59-66.

Guach, H.G. (1982). Multivariate Analysis in Community Ecology. 1st Ed. Cambridge Univ. Press, London and New York.

Hanson, W.D. (1970). Genotypic stability. Theoretical and Applied Genetics, 40**:** 226-231.

Hanuman, L. R. & Prabhakaran, V. T. (2000). A statistical comparison between non-parametric and parametric stability measures. Indian Journal of Genetics, 60**:** 417-432.

Hernandez, C. M. Crossa, J. & Castillo, A. (1993). The area under the function **:** an index for selecting desirable genotypes. Theoretical and Applied Genetics, 87**:** 409-415.

Huhn, M. (1979). Beitrage zur Erfassung der phanotypischen stabilitat. I. Vorschlag einiger auf Ranginformationnen beruhenden stabilitatsparameter. EDV in Medizin und Biologie, **10:** 112-117 (in German).

Huhn, M. & Nassar, R. (1989). On tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. Biometrics, **45:** 997-1000.interaction. Heredity, 56**:** 243–253.

Kang, M.S. (1998). Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. Advances in Agronomy. **62**: 199–252.

Kempton, R. A. (1984). The use of biplots in interpreting variety by environment interaction. Journal of Agricultural Science, 103: 123-135.

Lin, C. S. & Binns, M. R. (1988). method for analyzing cultivar × location × year experiments: A new stability parameter. Theoretical and Applied Genetics, 79: 425-430.

Lin, C. S. & Butler, G. (1990). Cluster analysis for analyzing two way classification data. Agronomy Journal, **82** : 344-348.

Lin, C. S. & Thompson, B. (1975). An empirical method of grouping genotypes based on a linear function of the genotype-environment interaction. Heredity, 34: 255-263.

Lin, C. S., Binns, M. R. & Lefcovitch, L. P. (1986). Stability analysis :where do we stand? Crop Science, 26: 894-900.

Nassar, R. & Huhn, M. (1987). Studies on estimation of phenotypic stability: test of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. Biometrics 43: 45–53.

Pinthus, J. M. (1973). Estimate of genotype value: a proposed method. Euphitica, 22: 121-123.

Plaisted, R. L. (1960). A shorter method of evaluating the ability of selection to yield consistently over seasons. Am Potato J 37: 166–172.

Plaisted, R. L. & Peterson, L. C. (1959). A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. American Potato Journal, 36: 381–385.

Purchase, J. L. (1997). Parametric Analysis to Describe G × E Interaction and Yield Stability in Winter Wheat. Ph.D Thesis, Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, University of the Orange Free State, Bloemfontein, South Africa. regional trials. Crop Science, 11: 184–190.

Scapim, C.A., Oliveria, V.R., Braccini, C.D., Andrade, C.A., & Vidigal, M.C. (2000). Yield stability in maize and correlations among the parameters of the Ebrhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. Genetic Molecular Biology Journal, 23: 387-393.

Shukla, G. K. (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental compounents of variability. Heredity, 29: 237-245.

Sneller, C. H. Cilgore-Norquest, L. & Dombek, D. (1997). Repeatability of yield stability in soybean. Crop Science, 37: 383-390.

Tai, G. C. C. (1971). Genotypic stability analysis and application to potato the Ebrhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. Genetic.

Thennarasu, K. (1995). On certain non-parametric procedures for studying genotype-environment interactions and yield stability. Ph.D Theses, P. J. School, IARI., New Delhi.

Westcott, B. (1986). Some methods of analysing genotype-environment.

Witcombe, J.R. (2001) The impact of decentralized and participatory plant breeding on the genetic base of crops. In: Cooper, H.D., Spillane, C. and Hodgkins, T. (eds) Broadening the Genetic Bases of Crop Production. CAB International, Wallingford, UK, pp. 407–417.

Wricke, G. (1962). Uber eine methode zur refassung der okologischen streubretite in feldversuchen, Flazenzuecht, 47: 92–96.

Yan, W., Cornelius, P. L., Crossa, J. & Hunt, L. A. (2001). Two types of GGE biplot for analyzing multi-environment trial data. Crop Science, 41: 656-663.

Yates, F. & Cochran, W.G. (1938) The analysis of groups of experiments. Journal of Agricultural Science, 28: 556–580.

Zobel, R., Wright, M. & Gauch Jr, H. (1988). Statistical analysis of a yield trial. Agronomy Journal , 80: 388–393.