

تقدير درجة التباعد الوراثي باستخدام التحليل العنقودي لأصناف من الحنطة

*Triticum aestivum L*رياض جبار منصور المالكي
كلية الزراعة / جامعة واسط

Dr.ryaad1968@gmial .com

تاريخ قبول النشر : 2017/3/8

تاريخ استلام البحث : 2016/12/28

الخلاصة

نفذت تجربته حقلية في ثمان مواقع بيئية مختلفة في محافظته الدبوانية لموسمين متتاليين 2014 و 2015 لاختبار أداء تسعة أصناف من الحنطة ذات أصول وراثية مختلفة المنشأ وتجميعها في مجاميع متجانسة وتقدير درجة التباعد بينها بصيغة وتقدير مسافات Euclidean باستخدام التحليل العنقودي Cluster Analysis . تم تحليل بيانات حاصل الحبوب باستخدام طريقة التجميع الهرمي (Hierarchical) بعد ان تم تقدير درجة التشابه عن طريق إنشاء مصفوفة proximities . أشارت نتائج التحليل العنقودي الى تجمع الأصناف في خمس مجاميع تشكلت خلال عشر مراحل . تكونت كل مجموعة من صنفين باستثناء المجموعة الخامسة التي تكونت من صنف واحد . دلت نتائج التحليل العنقودي ان الصنفين صباح و اباء 99 الأكثر تشابها لامتلاكهما أعلى مسافة Euclidean وهذا يشير إلى تشابه الجينات التي تسيطر على صفة حاصل الحبوب والتي تدل إن درجة التباعد الوراثي عاليه والتي تنعكس إيجابا على أداء الصنفين وامتلاكهما بعض الجينات الرئيسية والمفضلة في عملية التضريبات والتجهينات للاستفادة منها في برامج التربية، في حين حصلت أقل مسافة Euclidean للصنف مكسيبيك والتي تدل على البعد الوراثي لهذا الصنف ربما بسبب اختلاف أصله الوراثي توزعت الأصناف إلى مجموعتين رئيسيتين تضمنت المجموعة الأولى (A) مجموعة (4 و 5) في حين ضمنت المجموعة الثانية (B) بقية المجاميع والتي تميزت بمعدل حاصل أعلى من المجموعة الأولى وهذا مؤشر عن وجود جينات مفضله مسؤولة عن صفة الحاصل في الأصناف للمجموعة الثانية يمكن الاستفادة من انعزالاتها . يمكن استخدام الأصناف المتباعدة وراثيا لتحسين الأصناف المحلية وذلك بنقل جينات الحاصل المتفوقة بإحدى طرق التربية لان التباعد الوراثي سيضمن عدم تشابه الجينات بين الأصناف المختبرة .

الكلمات المفتاحية / التحليل العنقودي ، أصناف الحنطة .التداخل الوراثي البيئي .

المقدمة

المشمولة بالاختبار وهذا يعطي مؤشر على تحديد استقراره الأصناف . إن اختلاف استجابة التراكيب الوراثية أو الأصناف للعوامل البيئية يفرض على الباحثين ملاحظة أداءها خلال مواقع ذات تباين جغرافي (Roozeboom et al 2008) من خلال تطبيق تجارب البيئات المتعددة (MEYT) لتحديد أنماط التداخل الوراثي- البيئي الذي يعد القاعدة التي يُبنى عليها الانتخاب للتكيف (purchase ,et al , 2000). ان تقييم نسبة التباعد الوراثي من الأهداف المهمة التي يصعب إليها مربو النبات لكل مشروع تربية ينفذه سواء كان انتخابا أو تهجيناً أو إدخالاً. ان استخدام مواد وراثية جديدة هو امر ضروري الا انه يجب

تعد حنطة الخبز من المحاصيل الحبوبية المهمة ذات المردود الاقتصادي العالي وهي المصدر الرئيس لغذاء الإنسان (FAO, 2012).

يعد العراق من المناطق الملائمة لزراعتها بشرط توفر مقومات الإنتاج الزراعي لذلك فان اختبار التداخل الوراثي البيئي لها أصبح ضروريا قبل إطلاق الصنف لزراعته في منطقته معينه دون هذا الاختبار تعد هذه الطريقة مجازفة لذلك لا بد إخضاع هذه الأصناف الى زراعتها في بيئات مختلفة ولسنوات مع توجيه بعض المؤثرات البيئية على تلك الأصناف وعلى ضوء النتائج لتلك البيئات يتم تحليل التداخل الوراثي البيئي وتحديد الصنف الملائم لكل منطقة

درجة التشابه وهذا يتم بطرق مختلفة منها Within- و Between- Groups Linkage و Nearest neighbor و Groups Linkage و Furthest Neighbor و Centroid و Wards وغيرها ، حيث تعتبر كل مشاهدة مجموعة ثم تدمج كل مشاهدين (مجموعتين) الأكثر تشابها (ذات مسافة euclidean الأقل من مصفوفة (proximities) في مجموعة واحدة بعدها تدمج المجموعة الجديدة مع مجموعة أخرى متشابهة وهكذا تعاد العملية حتى يتم دمج جميع المشاهدات في مجموعة واحدة رئيسة.

يواجه الباحثون مشكلتين عند إجراء التحليل العنقودي، الأولى هي تحديد الصفات المناسبة التي يجب الاعتماد عليها في هذا التحليل ، إذ ان الصفات تختلف في مقدرتها على تمييز المتغيرات الى مجاميع فعلى سبيل المثال عند اختبار مجموعة أصناف تمتلك جميعها حاصل حبوب متقارب ، فهنا تعتبر صفة حاصل الحبوب غير مفيدة في التحليل العنقودي لأنها ذات قدرة واطنة على تمييز تلك الأصناف الى مجاميع متميزة لذلك فان خبرة الباحث هي المعيار في تحديد الصفة (الصفات) الملائمة. المشكلة الثانية هي كيفية تجميع القياسات المختلفة (الصفات ذات الوحدات المختلفة) الى رقم او قيمة مفردة تستخدم للتعبير عن درجة التشابه بين الأصناف. ان تحويل البيانات Transformation بطرق مختلفة قبل تكوين مصفوفة proximities سيكون الحل الأمثل وهذا يعتمد على خبرة الباحث ((Stuckburger 2011).

يهدف البحث إلى (1) تقدير درجة التباعد الوراثي بين جينات تسعة أصناف من الحنطة بدلالة حاصل الحبوب تحت ظروف ثمان مواقع بيئية مختلفة ولموسمين (2) تصنيف او تقسيم الأصناف المدروسة الى مجاميع للاستفادة منها كإبءاء في برامج التربية باستخدام هذه التقنية أحدثه الاستخدام في العراق.

المواد وطرائق العمل

طبقت تجربة بتصميم القطاعات العشوائية الكاملة المعشاة بأربع مكررات لمقارنة تسعة أصناف من حنطة الخبز ذات أصول وراثية مختلفة ولموسمين 2014-2015 على التوالي

توفر عدد من الشروط فيها ومن أهمها ان تكون ذات بعد وراثي عن الأصناف المطلوب تحسينها لأجل ضمان امتلاكها لجينات غير موجودة (لا تشابه) نظيراتها في الأصناف. يعتبر التحليل العنقودي من الأدوات الجيدة لمربي النبات لتقييم التباعد الوراثي وتحديد مواقع الصفات الكمية (QTL) والمحافظة على الأصول الوراثية، فضلا عن انه لا يحتاج الى وضع افتراضات حول طبيعة توزيع البيانات (Yan and Ortiz 1994). يعرف التحليل العنقودي (taxonomy Analysis) (segmentation clusters) بأنه ذلك التحليل الذي يبحث في تحديد المجاميع المتشابهة لمجموعة من الحالات (الأصناف) لصفات محددة بالاعتماد على تشابه استجاباتها للظروف البيئية المحيطة وتصنيف التراكيب الوراثية حسب تقاربها او تباعدها الوراثي (Stuckburger. 2011)، إذ يعتمد على حساب مسافات euclidean والتي تعبر عن مقدار التباعد (dissimilarity or diversity) بين معدلات المتغيرات الكمية ومن ثم إنتاج dendogram يبين توزيع الأصناف المدروسة إلى مجاميع بحسب أدائها وأصولها الوراثية .

توجد طرائق متعددة لهذا التحليل منها طريقة Two-step التي تناسب إعداد البيانات الكبيرة الحجم ($n \leq 1000$) وطريقة K-means التي تستخدم عند القدرة على تحديد عدد clusters مسبقا وطريقة التجميع الهرمي (hierarchical) وهي أهمها وأكثرها شيوعا والتي تسمح باختبار مسافة محددة واختبار طريقة الارتباط. تناسب هذه الطريقة حجم البيانات الصغير ($n \leq 250$) وتعرض النتائج بشكل dendogram. تتضمن طريقة التجميع الهرمي خطوتان، الأولى تكوين جدول لدرجة التشابه بين المشاهدات يدعى مصفوفة proximities يتم فيه تقدير مسافات ال Euclidean بين المشاهدات المدروسة وهذا يتم بطرق مختلفة مثل Euclidean Distance و Squared Euclidean Distance و Chi-square و Minkoeski و Cosine و Size Difference و Simple Matching وغيرها من الطرق التي تستخرج درجة التشابه بطرق رياضية مختلفة. الخطوة الثانية يتم فيها تجميع المشاهدات الى مجاميع متعددة حسب

(46% N) بواقع 50 كغم / دونم على دفعتين الأولى بعد 30 يوم من الزراعة والثانية قبل مرحلة طرد السنابل وأجريت العمليات الحقلية كلما دعت الحاجة إليها علما إن مساحة الوحدة التجريبية (3.5 X 5 م) .

في ثمانية مواقع بيئية مختلفة في محافظة الديوانية (جدول 1) .. زرعت البذور في المواقع البيئية بتاريخ 11/15 / موسم زراعي بواقع 50 كغم / دونم نثرا أضيفت الأسمدة حسب التوصيات السماوية بواقع 50 كغم / دونم بسماد الداب (NPK 18.18)، وسماد اليوريا

جدول (1) أسماء ورموز أصناف الحنطة والمواقع البيئية

الرمز	البيئات	الأصناف	الرمز
E1	مهناويه	تموز 1	G1
E 2	الدغاره	تموز 2	G 2
E 3	الشاميه	مكسيياك	G 3
E 4	ال بدير	صباح	G 4
E 5	الصلاحيه	اباء 95	G 5
E 6	الشنافيه	لطيقيه	G 6
E 7	السدير	إباء 99	G 7
E 8	الفجر	أبو غريب	G 8
		شام 6	G 9

التي تعبر عن درجة التشابه بين معدلات المجاميع من مصفوفه proximities matrix التي تم تكوينها في المرحلة الاولى وذلك حسب المعادلة الآتية :

$$\text{Distance (x, y) = } \left(\sum_i (x_i - y_i)^2 \right)^{1/2}$$

(punitha et al, 2010) . استخدم برنامج genstat لتحليل البيانات .

النتائج والمناقشة

يشير جدول (2) الى وجود اختلافات معنوية بين الأصناف وبين البيئات والتداخل بينهما وهذه تعتبر إشارة أوليه عن تباعد وراثي بينها يمكن الكشف عنه بالتحليل العنقودي إذ شارك التغيرات الوراثي بنسبة 61.53 % بينما التداخل الوراثي البيئي بنسبة 29.45% بينما كانت مشاركة التغيرات البيئي بمقدار 8.62 % من مجموع المربعات .

تم حصاد كل وحدة تجريبية وتعديل الحاصل لمساحة الدونم . اجري تحليل التغيرات التجميعي على معدل بيانات السننين وتحليل CLUSTER بالاعتماد على طريقه agglomerative لتبسيط البيانات عن طريق تجميع الأصناف في مجاميع لصفة حاصل الحبوب حسب تشابه نمط الاستجابة (Williams 1976 و Sneath و Soka . تم إجراء التحليل على مرحلتين الأولى تضمنت تحليل البيانات بطريقة المكونات الأساسية (Principal Components Analysis –PCA) (Jeffers ، 1967) . ثم إجراء تحليل custer في المرحلة الثانيه . يتكون تحليل custer من عدد من الخطوات تبدأ بتكوين مصفوفه لدرجة التشابه بين الاصناف تدعى proximities matrix ثم يتم تكوين dendrogram بالاعتماد على طريقة UPGMA (Sneath و Soka ، 1973) إذ تحسب مسافات Euclidean

جدول (2) : التحليل التجميعي لتباين حاصل الحبوب لتسعة أصناف من الحنطة المزروعة في ثمان بيئات وكمعدل لموسمين 2014 و 2015

S.O.V	d.f	S.S	M.S	F- cal	F- tab	S.S %	model
Env.	15	444211	29614	6.3		8.62	عشوائي
Rep./env	32	150426	4701	1.49			
Gen	8	6547405	818426	258.7		61.53	ثابت
Gen.x Env.	120	2689632	22414	7.08		29.45	عشوائي
Error	256	809874	3164				
Total	431	10641548					

قابليه على الأداء العالي مع ظروف هذه البيئة والتي كانت مشاركة التأثير البيئي بمقدار 8.62% التي كانت محدودة التأثير والمساهمة قياسا إلى النسبة المئوية لمجمع المربعات جدول (2) وكان التداخل الوراثي البيئي معنويا في الأداء إذ تفوقت المعاملة (G4E1 و G2E4) أعلى معدل حاصل حبوب بمقدار 1183.3 كغم / دونم وهذا يتفق مع ما وجدته (Mohammed, M.I. 2009) عند تحليلهم لبعض الأصناف من الحنطة تحت بيئات باستخدام تقانة GGE Biplot – الإحصائية .

يشير جدول (3) تفوق الصنف صباح في صفة حاصل الحبوب على بقية الأصناف وبنسبة 88 % عن اوطا الأصناف باعطاءه أعلى معدل عبر البيئات بلغ 1039.2 كغم / دونم ويعود التفوق الى الأداء والسلوك في اظهار التفوق عبر البيئات اعتمادا على الأصل الوراثي له في التميز والتفوق.والذي أكدته نسبة التغير الوراثي المقدر 61.53 % جدول (2) في حين اختلفت البيئات معنويا فيما بينها إذ تفوقت بيئة المهنويه على بقية البيئات باعطائها أعلى معدل عبر الأصناف بلغ 920.7 كغم / دونم ربما جاء التفوق لهذه البيئة إلى إظهار الأصناف أعلى

جدول (3): متوسط حاصل الحبوب (كغم/دونم) حاصل الحبوب لتسع أصناف من الحنطة المزروعة في ثمان بيئات كمعدل لموسميين 2014 و 2015

المعدل	البيئات								الاصناف
	E 8	E 7	E 6	E 5	E 4	E 3	E 2	E 1	
874.7	1028.3	1098.3	787.5	718.3	811.7	858.3	843.3	851.7	G1
949.4	805.0	1008.3	800.0	771.7	1183.3	1066.7	905.0	1055.0	G 2
628.3	550.0	615.0	693.3	601.7	695.0	605.0	640.0	626.7	G 3
1039.2	961.0	1005.0	1000.0	1073.3	1031.7	1013.3	1045.0	1183.3	G 4
911.9	841.7	911.7	941.7	920.0	926.7	906.7	895.0	951.7	G 5
780.7	796.7	733.3	818.3	791.7	650.0	912.5	735.0	808.3	G 6
990.6	910.0	866.7	980.0	1061.7	1000.0	1061.7	1030.0	1015.0	G 7
887.3	843.3	883.3	921.7	795.0	871.7	935.0	936.7	911.7	G 8
733.5	633.3	593.3	733.3	750.0	743.3	696.7	835.0	883.3	G 9
866.2	818.9	857.2	852.9	831.5	879.3	895.1	873.9	920.7	المعدل
	التداخل بين الأصناف والبيئات 92.81				بين البيئات 38.01		بين الأصناف 22.61		L.S.D 0.05

لحصول العبور الوراثي لكسر الارتباط الوراثي في الأجيال الانعزالية هذا يعتمد على التقويم الكفاء للتباعد الوراثي بين الأصناف المدروسة . إن قيمة المعامل تناظر مسافات Euclidean على المحور الأفقي للشكل (1) إلا أنها لا تتشابه معها من مجاميع اعتمادا على قيم Euclidean الأقل حتى تندمج جميع الأصناف ضمن شكل أو مجموعته .

يشير جدول (4) الى مراحل تشكل المخطط العنقودي المكونة من عشر مراحل إذ يدل عمود المعامل على طبيعة التباعد بين المجاميع ، حيث يشير قيمة المعامل الصغير على ان المجاميع متشابهة بينما يدل قيمة المعامل الكبيرة على انخفاض التجانس إن التضريب بين الأصناف التي تعود إلى مجاميع متباعدة يقود إلى تكوين قاعدة وراثية واسعة ويوفر فرصه

جدول (4) المعامل المقدر بين المجاميع حسب التحليل العنقودي (CLUSTER)

المعامل	Cluster 2	Cluster 1	المرحلة
57896	2	1	1
26404	7	4	2
192981	8	5	3
5230	6	9	4
31085	4	7	5
96554	5	1	6
14967	7	6	7
42918	1	8	8
120512	6	4	9
135559	6	1	10

Euclidean مسافات

** Levels 95.0 85.0 75.0 65.0 55.0 45.0

G1	1
G2	2)
G5	5	..))
G8	8	..).....).....)
G4	4))--
G7	7).....).....).....
G3	3)
G6	6))
G9	9).....).....).

شكل (1) التجميع الهرمي لتوزيع اصناف الحنطة على المجاميع المحور العمودي والمسافات المحور الافقي (Euclidean)

المعامل البالغة 57896 . ان المسافة Euclidean الواطئة بين هذين الصنفين تدل على تشابه جينات الحاصل بينهما . في المرحله الثانية تم دمج الصنفين (G4 و G7) ليكونا المجموعة 2 بقيمة معامل 26404 وهكذا حتى دمجت جميع الأصناف في مجموعة واحدة في الخطوة العاشرة .

حيث أعيدت صياغة قيم المعامل الى المدى المكون من 45- 95 حسب برنامج genstat لتسهيل قراءتها . يلاحظ ان المرحلة الأولى بدأت بدمج اكثر من صنفين تشابها في الأداء وهما (G1 و G2) في مجموعة واحدة يطلق عليها المجموعة الأولى اعتمادا على التسلسل الأصغر لهما فقد امتلکا اقل قيمة لمسافة Euclidean والتي تم التعبير عنها بقيمة

جدول (5) : عدد وأسماء ورموز الأصناف لكل مجموعه حسب التحليل العنقودي (CLUSTER)

المجاميع	عدد الأصناف	رمز الصنف	الأصناف	معدل الحاصل
1	2	G2 و G1	تموز 1 / تموز 2	912.05
2	2	G5 و G8	أبو غريب / إباء 95	894.6
3	2	G4 و G7	إباء 99 / صباح	1014.9
4	2	G6 و G9	شام 6 / لطيفيه	755.1
5	1	G3	مكسيياك	628

(شكل 1) إذ توزعت الأصناف الى خمس مجاميع (جدول 5) ضمت كل مجموعة صنفان

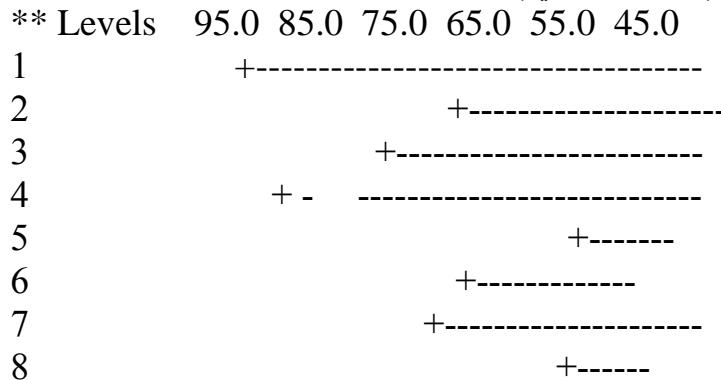
أنشأ مخطط التحليل العنقودي بالاعتماد على تقدير درجة التشابه بين الأصناف المدروسة

مسئولة عن صفة الحاصل في الأصناف يمكن الاستفادة من انعزلاتها . ويشير شكل (2) الى نمط تجمع البيئات المدروسة إلى مجاميع حسب أداء الأصناف خلالها . يلاحظ إن البيئات توزعت إلى مجموعتين تكونت المجموعة الأولى من بيئات جميعها باستثناء بيئة المهناوية التي كانت تمثل المجموعة الثانية . ان تجمع البيئات بهذا النمط يشير إلى تشابه أداء الأصناف خلال البيئات لكل مجموعته خاصة البيئات الدغارة والشاميه وال بدير اللذين امتلكوا اقل مسافة Euclidean وبالتالي يمكن الانتخاب في إحدى هذه البيئات وتعميم النتائج على البيئة الأخرى . كانت البيئة المهناوية الأبعد عن جميع البيئات إلا أنها امتلكت أعلى معدل حاصل للأصناف المدروسة .

باستثناء المجموعه الخامسة التي تكونت من صنف واحد وهذا يشير الى البعد الوراثي لهذا الصنف عن بقية الأصناف المدروسة الذي امتلك اقل معدل لصفة حاصل الحبوب في حين كانت المجموعة الثالثة هي الأعلى لهذه الصفة لأنها ضمت الصنفين المتفوقين وقد يرجع إلى امتلاكهما جينات مفضله غير موجودة في بقية الأصناف مما انعكس على أدائهما إيجابيا لذلك فالتهجين بين هذين الصنفين قد ينتج عنه صنف جيد عالي الإنتاج كما ويمكن الاستفادة من الانعزلات الوراثية في تحسين صفه معنيه او أكثر للأصناف المعتمدة بواسطة التضريب الرجعي .

يلاحظ من الشكل (1) طبيعة توزيع الأصناف إلى مجاميع مختلفة حسب درجة تشابه أداء هذه الأصناف وهذا مؤشر عن وجود جينات مفضله

شكل (2) التجميع الهرمي لتوزيع البيئات على مجاميع (المحور العمودي) ومسافات (المحور الأفقي)



المصادر

- FAO, 2012. Results of the network experimentation of wheat cultivar.
- Jeffers, J.N.R. 1967. Two case studies in the application of Principal component analysis. Appl. Stat., 16:225-236.
- Mohammed ,M.I. 2009. Genotype X Environment Intraction in Bread Wheat in Northern Sudan Using AMMI Analysis ,American –Eurasian J.Agric .&ENVIRON .Sci.,6(4):427-433.

الاستنتاجات

إن تحسين صفة الحاصل يعتمد على تجميع الجينات المفضلة لهذه الصفة حيث ومن خلال هذه الدراسة صنفت الأصناف الأكثر تشابه لامتلاكها اقل بعد وراثي بينها بسبب امتلاكها اقل مسافة Euclidean وهذا يشير إلى تشابه الجينات التي تسيطر على صفة حاصل الحبوب واستخدامها في برامج التربية .

التوصيات

يجب انتخاب الأصناف التي تتميز بمعدل حاصل عال وذات تباعد وراثي عال عن الأصناف المحلية من خلال الكشف عنها باستخدام تقانات الوراثة الجزيئية والتقانات الإحصائية كتقانة التحليل العنقودي أو تقانة GGE- Biplot وغيرها .

- Sneath, P.H.A. and R.R. Sokai.1973. Numerical Taxonomy: The Principal and Practice of Numerical Classification, W.H.Freeman and Co., San Francisco.
- Stuckburger ,D.W. 2011. Multivariate Statistics: concepts, models and applications. www.psychstat.mission.
- Williams, W.T. 1976. Pattern Analysis in Agriculture Sciences. Elsever, Amsterdam.
- Yan.S.K. and G.Ortiz.1994 .Regression and analysis of elite wheat lines grown in rain fed environment. J. of Genetics and Breeding. 48:183-190.
- purchase ,j.l , hating ,h .and van Deventer , g.s 2000.. Genotype X environment interaction in of wenter wheat (*Triticum aestivum* L) in South Africa . j.Plant soil 17:101- 107.
- Punith .B.,P.Vindhiyavarman and N.Manivanna.2010. Genetic divergence study in sunflower (*Helianthus annuus* L) Electronic Journal of plant Breeding ,1(4):426-430.
- Roozeboom, K.L., Schapaugh, W.T., Tuinstra, M.R., Vanderlip, R.L., Milliken, G.A., 2008. Testing wheat in variable environments: genotype, environment, interaction effects, and grouping test locations. Crop Sci. 48, 317–330.

The Estimation of the Degree of Genetic Divergence Using Cluster Analysis of the Varieties of Wheat

Riyadh Jabbar Mansour al-Maliki
Wasit University - Colege of Agriculture

Abstract

A field experiment has been carried out at eight different environmental sites in the province of Diwaniya for seasonal years in 2014 and 2015 to test nine varieties of different origin wheat (*Triticum aestivum* L) and assembled in homogeneous groups and assess the degree of divergence between them and estimate distances Euclidean using cluster analysis.

The grain yield data analysis using hierarchical consolidation method (hierarchical) after it has been estimating the degree of similarity by creating a matrix of proximities.

The result of the cluster analysis to combine items in five groups formed during the ten stages is every group consists of two varieties except the fifth group consists of one variety.

The results of cluster analysis shows that cultivars sabah and Iba 99 have the most similarity the highest distance Euclidean This refers to the similarity of genes that control the yield grains, which indicate that the degree of divergence

of genetic height and reflects the positive to perform tow variety and they possess some of the major favorite genes and crosses to take advantage of them in education programs, while Iba has got less Euclidean distance Maxibak of the variety, which shows a genetic dimension of this product may be due to the different genetic origins.

Varieties are distributed to two main groups: the first group (A) includes variety (4 and 5) while the second group (B) the rest of the totals and characterized by the average of the sum which is higher including than the first group when is an indication of the existence of favorites genes segregated for a recipe made in the categories for the second group which can benefit from segregation. divergent varieties genetically engineered can be used to improve the local varieties by transferring genes winning one of the superior ways of education breeding because the spacing will ensure that genetic similarity between genes tested varieties.

Keywords : Cluster Analysis , Varieties of Wheat. Interaction Genetic and Environmental