

مطالعه پایداری ژنوتیپ‌های امید بخش جو با استفاده از تجزیه AMMI در مناطق سرد ایران

احمد رضا کوچکی^{۱*}، بهزاد سرخی^۲ و محمد رضا اسلام‌زاده حصار^۳

۱ و ۲- اعضای هیأت علمی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج، ۳- کارشناس ارشد کشاورزی

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۱/۸/۱۶ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۱۱/۳۰)

چکیده

عملکرد یک ژنوتیپ ممکن است از مکانی به مکان دیگر و یا از سالی به سال دیگر تغییر یابد و در اصطلاح اثر متقابل ژنوتیپ×محیط وجود داشته باشد. برای به‌نژادگران مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ×محیط و شناسایی ارقام پایدار و با عملکرد بالا از اهمیت زیادی برخوردار است. در این تحقیق، پایداری و سازگاری ۲۰ ژنوتیپ جو در آزمایش‌های یکنواخت سراسری با استفاده از طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در ۸ اقلیم سرد به مدت دو سال زراعی (۸۵-۱۳۸۳) مورد بررسی قرار گرفت. نتایج حاصل از تجزیه AMMI نشان داد که اثر اصلی ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط و چهار مولفه اصلی اول اثر متقابل در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند. از دو مولفه اصلی اول و دوم (IPCA1 و IPCA2) برای رسم Biplot استفاده شد. تجزیه خوشه‌ای نیز ژنوتیپ‌ها را به سه گروه تقسیم کرد که ژنوتیپ‌های هر گروه از نظر پایداری مشابه هم بودند. در مجموع لاین شماره ۱۷ (MAKOUEE//ZARJOW/80-5151) با توجه به معیار پایداری مورد استفاده، پایداری مطلوب‌تری را نشان داد و از اینرو این ژنوتیپ، به عنوان ژنوتیپ برتر از نظر پر محصولی و پایداری عملکرد شناسایی و به برنامه‌های به‌زراعی و آزمایش‌های تحقیقی تطبیقی پیشنهاد شد. در پایان چنین نتیجه‌گیری شد که اگرچه به‌نژادی ارقام سازگار و پایدار برای پهنه گسترده اقلیم سرد کشور مشکلات خاص خود را دارد، اما اطلاعات حاصل از روش‌های تجزیه پایداری برای انتخاب ژنوتیپ‌های پر محصول و با سازگاری عمومی و یا خصوصی، می‌تواند راه حل مناسبی برای حل این مشکلات باشد.

واژه‌های کلیدی: اثر متقابل ژنوتیپ×محیط، پایداری عملکرد، جو، تجزیه AMMI

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L.) با سازگاری وسیع اکولوژیک، با سطح زیر کشت حدود ۵۴ میلیون هکتار و تولید حدود ۱۵۲ میلیون تن چهارمین محصول مهم غلات بعد از گندم، ذرت و برنج در جهان است که به عنوان غذا مورد استفاده انسان و دام قرار می‌گیرد. در ایران نیز جو با سطح زیر کشت حدود ۱/۷ میلیون هکتار و تولید حدود ۳/۵ میلیون تن دومین غله بعد از گندم محسوب می‌شود (FAO, 2009).

اثر متقابل ژنوتیپ×محیط برای پژوهشگران علوم اصلاح نباتات دارای اهمیت ویژه‌ای بوده و یکی از مسائل پیچیده برنامه‌های به‌نژادی برای تهیه ژنوتیپ پرمحصول و پایدار به شمار می‌رود (Cornelius and Crossa, 1999; Gauch, 2006; Yan, et al., 2007). آگاهی از ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ×محیط به به‌نژادگران کمک می‌نماید تا بتوانند ژنوتیپ‌ها را با دقت بیشتری ارزیابی کرده و ژنوتیپ‌های برتر از نظر پایداری و عملکرد بالا را انتخاب نمایند (Roy, 2000). معیار استفاده از انواع روش‌های تجزیه پایداری به نوع طرح آزمایشی، گیاه، نظر محقق، محیط آزمایش و سایر شرایط بستگی دارد (Fattahi and Yossefi, 2006).

واکنش ژنوتیپ‌ها در مقابل عوامل متغیر محیطی را اثر متقابل ژنوتیپ×محیط می‌دانند. این اثر متقابل باعث کاهش همبستگی بین ژنوتیپ و فنوتیپ می‌شود و در نتیجه کارایی انتخاب کاهش می‌یابد (Brandiej and Meverty, 1994). مهم‌ترین مسئله که تحت اثر متقابل ژنوتیپ و محیط قرار می‌گیرد، مسئله سازگاری به شرایط محیط است. وجود اثر متقابل ژنوتیپ و محیط نشان‌دهنده این است که بهترین ژنوتیپ در یک محیط ممکن است که در محیط‌های دیگر بهترین ژنوتیپ نباشد (Perkins and Jinks, 1971). اثر متقابل ژنوتیپ و محیط می‌تواند جنبه‌های مختلفی داشته باشد. مثلاً یک اختلاف محیطی مخصوص می‌تواند روی برخی از ژنوتیپ‌ها بیشتر از سایر ژنوتیپ‌ها تأثیر داشته باشد. عکس‌العمل ژنوتیپ‌های مختلف معمولاً به دلیل پاسخ متفاوت ژن‌ها و با قدرت تظاهر متفاوت آن‌ها در محیط‌های مختلف است (Fallconer, 1981). تجزیه پایداری مهم‌ترین روشی است که برای پی بردن به ماهیت اثر متقابل ژنوتیپ و محیط

کاربرد دارد و با توجه به آن می‌توان ارقام پایدار و سازگار را شناسایی و مورد استفاده قرار داد.

در صورت وجود اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، برای گزینش و اصلاح ژنوتیپ‌ها به ترتیب در هنگام گزینش نیاز به همبستگی معنی‌دار ارزش‌های فنوتیپی و ژنوتیپی است. زیرا اثر متقابل ژنوتیپ و محیط باعث کاهش همبستگی ارزش‌های فنوتیپی و ژنوتیپی می‌شود و تحلیل دقیق نتایج را مشکل می‌سازد (Pham and kang, 1988).

با توجه به گسترش روزافزون روش‌های آماری چند متغیره و استفاده وسیع آن‌ها در تمام زمینه‌های علمی و از جمله در ارزیابی ژنوتیپ‌ها در آزمایشات ناحیه‌ای عملکرد، روش‌های مختلفی برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط پیشنهاد شده است. گاج (Gauch, 1988) و سپس گاج و زابل (Gauch and Zobel, 1988) روش AMMI را به طور مفصل بسط داده و مورد تجزیه و تحلیل قرار دادند.

تجزیه AMMI بسیار مفیدتر از مدل اثرات ثابت ۲ طرفه معمول همراه با اثر متقابل است (Zobel et al., 1988) روش تجزیه AMMI ترکیبی از تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است. در روش AMMI ابتدا با استفاده از تجزیه واریانس معمولاً اثرات اصلی ژنوتیپ‌ها و محیط برآورد می‌شود که به آن‌ها اثرات اصلی جمع‌پذیر یا افزایشی گفته می‌شود. سپس با استفاده از تجزیه مؤلفه‌های اصلی، اثر متقابل ژنوتیپ و محیط که به اثرات متقابل ضرب‌پذیر معروف است مورد تجزیه قرار می‌گیرد.

در آزمایشی که توسط کایا و همکاران (Kaya et al., 2002) در آناتولی مرکزی در ترکیه انجام شد، ۲۰ ژنوتیپ گندم در ۶ محیط بررسی شدند. برای تجزیه داده‌های این آزمایش از روش AMMI استفاده شد. مؤلفه اصلی اول و دوم در این روش در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار بودند و ۷۸/۶۴ درصد از کل اثر متقابل ژنوتیپ و محیط را توجیه می‌کردند. بای‌پلاتی که به وسیله مؤلفه‌های اصلی اول و دوم رسم شد نشان داد که ژنوتیپ‌های با PCA1 بزرگ و PCA2 کوچک عملکرد بالایی داشتند.

هدف از این تحقیق استفاده از روش AMMI برای بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و تعیین پایدارترین ژنوتیپ‌های جو است.

مواد و روش‌ها

به منظور ارزیابی اثر متقابل ژنوتیپ×محیط و تعیین پایداری تعدادی از ارقام و لاین‌های جو، ۲۰ ژنوتیپ جو (جدول ۱) به صورت کشت پاییزه در طی دو سال زراعی ۱۳۸۳-۸۵ و در مجموع در ۱۵ محیط (در سال اول ۷ مکان و در سال دوم ۸ مکان) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. در محیط‌های مذکور آزمایشات به صورت یکنواخت به اجرا درآمد و ژنوتیپ‌ها نیز به عنوان فاکتور ثابت در نظر گرفته شدند. میزان بذر بر اساس ۴۰۰ دانه در متر مربع و طول هر کرت آزمایشی ۶ متر و عرض آن ۱/۲۰ متر و مساحت هر کرت ۷/۲ متر مربع در نظر گرفته شد. مساحت برداشت با حذف نیم متر از ابتدا و انتهای هر کرت به ۶ متر مربع کاهش یافت. در مرحله داشت برخی صفات که در ارتباط با عملکرد بودند (ارتفاع، تاریخ سنبله‌دهی و تاریخ رسیدگی) ثبت و یادداشت شد و در مرحله برداشت میزان عملکرد برای هر رقم در محیط مربوطه محاسبه شد. ایستگاههای تحقیقاتی مورد مطالعه در زمره مناطق سرد کشور محسوب می‌شوند که شامل ایستگاه‌های مشهد، جلگه‌رخ، اردبیل، میاندوآب، تبریز، همدان، اراک و کرج می‌باشند.

تجزیه واریانس مرکب با فرض ثابت بودن اثر ژنوتیپ و تصادفی بودن اثر محیط انجام شد و روش AMMI برای تجزیه داده‌ها استفاده و جدول تجزیه واریانس آن رسم شد. در مدل AMMI اثر متقابل شامل جمعی از آثار

ضربی است که این آثار از تجزیه به مقادیر منفرد ماتریس اثر متقابل حاصل می‌شوند.

$$Y_{ijr} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ijr} \quad (1)$$

که Y_{ijr} ، عملکرد ژنوتیپ i ام در محیط j ام برای تکرار r ، g_i میانگین ژنوتیپ i ام منهای میانگین کل، e_j میانگین محیط j ام منهای میانگین کل، λ_k مجذور مربعات مقادیر ویژه k امین مؤلفه حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، α_{ik} و γ_{jk} به ترتیب بردارهای مؤلفه اصلی برای k امین مؤلفه ژنوتیپ i ام و محیط j ام حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ρ_{ij} باقیمانده یا نویز و ε_{ijr} خطای مدل می‌باشد. مفهوم کلاسیک $i \times j$ (G×E) به طور معمول نشان دهنده اثر متقابل ژنوتیپ i ام با محیط j ام است، ولی در مدل AMMI به صورت زیر نوشته می‌شود:

$$\sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \rho_{ij} \quad (2)$$

درجه آزادی مؤلفه‌های اصلی اثر متقابل (IPCA) با استفاده از فرمول $(g-1)-(e-1)-(2k-1)$ محاسبه می‌شود که در آن g نشان‌دهنده تعداد ژنوتیپ، e نشان‌دهنده تعداد محیط و k شماره مؤلفه اصلی اثر متقابل است. در روش AMMI چندین مدل برای پیش‌بینی داده‌ها برآزش شده است. مدل جمع‌پذیر (AMMIO) اثرات اصلی جمع‌پذیر یا افزایشی را تخمین می‌زند (یعنی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها) و هیچ یک از محورهای مؤلفه‌های اصلی در پیش‌بینی داده‌ها مورد استفاده قرار نمی‌گیرند.

جدول ۱- شجره ژنوتیپ‌های ارزیابی شده جو

Table 1. Pedigree of evaluated barley genotypes

شماره ژنوتیپ Genotype No.	شجره Pedigree	شماره ژنوتیپ Genotype No.	شجره Pedigree
G1	CB74-2	G11	Antares/Ky63-1294/Lignee131
G2	Espe/Vijay	G12	K-096M3
G3	Schuyler//9cr.279-07/Bgs	G13	Radical/Pervenets
G4	L.131/Gerbel//Ager-Ceres/3/(Scotia/Wa...)	G14	BOYER/TOJIS
G5	Arar/L.1242	G15	SCHUYLER//(M.RNB89.80/NB1905//L.527)
G6	Victoria//Coss/OWB71080-44-1H	G16	SCHUYLER//(M.RNB89.80/NB1905//L.527)
G7	ICB-101332/NE89725	G17	MAKOUÉE//ZARJOW/80-5151
G8	Clayton/NE89725	G18	ROHO/MAZURKA//ALPHA
G9	Sadik-02=(Alpha/Durra//Schuyler)	G19	Alger//Roho/Mazurka
G10	GkOmega	G20	EBYTC81-13

با توجه به نتایج حاصل از تجزیه مرکب دو ساله، اثر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط در سطح احتمال یک درصد و اثر اصلی ژنوتیپ در سطح احتمال ۵ درصد معنی‌دار شد جدول (۲). معنی‌دار بودن اثر محیط نشان می‌دهد که محیط‌ها از نظر عملکرد ژنوتیپ‌ها با هم اختلاف دارند و معنی‌دار بودن اثر متقابل ژنوتیپ×محیط نشان‌دهنده این است که تفاوت عملکرد نسبی بین ژنوتیپ‌ها از محیطی به محیطی دیگر اختلاف دارد.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس AMMI در جدول ۳ ارائه شده است. با توجه به جدول تجزیه واریانس آثار اصلی ژنوتیپ و محیط و اثر متقابل ژنوتیپ×محیط در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند. وجود اختلافات معنی‌دار بین محیط‌ها نشان‌دهنده این امر است که مکان‌های مورد مطالعه برای کشت ژنوتیپ‌های جو از لحاظ شرایط محیطی اختلاف داشتند و معنی‌داری اثر اصلی ژنوتیپ نیز نشان‌دهنده پاسخ مختلف ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف بود. از F تست گالوب (Gollob, 1968) برای تعیین تعداد مولفه‌هایی که در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند، استفاده شد که در مجموع دو سال، سه مولفه اصلی از مدل حفظ شد و بقیه مولفه‌های اصلی اثر متقابل به عنوان باقیمانده در جدول تجزیه واریانس آورده شده است.

AMMI1 ترکیبی از اثرات اصلی جمع‌پذیر یا افزایشی از مدل AMMI0 و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط تخمین زده شده از اولین محور مولفه اصلی (IPCA1) است (در این مدل یک مولفه اصلی اثر متقابل در مدل نگه داشته می‌شود و بقیه به عنوان باقیمانده یا نویز در نظر گرفته می‌شوند). AMMI2 نشان‌دهنده مدل کامل AMMI است که همه محورهای مولفه‌های اصلی را شامل می‌شود و P نشان‌دهنده تعداد مولفه‌های موجود در مدل بوده و برابر است با:

$$P = \min [g-1, e-1] \quad (3)$$

برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها از نرم‌افزارهای SAS و Excel استفاده شد.

نتایج و بحث

برای انجام تجزیه و تحلیل‌های مورد نظر ابتدا تجزیه واریانس ساده هر محیط به صورت جداگانه انجام شد. سپس برای انجام تجزیه مرکب ابتدا یکنواختی واریانس اشتباهات آزمایشی با استفاده از آزمون بارتلت تست شد ایستگاه تبریز در سال اول به دلیل غیر یکنواختی بالا حذف شد، پس از آن نتیجه این آزمون نشان داد که واریانس‌ها یکنواخت بوده و می‌توان عملیات تجزیه مرکب را برای کل داده‌ها انجام داد.

جدول ۲- جدول تجزیه واریانس مرکب ۲۰ ژنوتیپ جو در ۱۴ محیط
Table 2. Combined analysis of 20 barley genotypes studied in 14 environments

S O V	منابع تغییر	درجه آزادی df	مجموع مربعات SS	میانگین مربعات MS
Environment (E)	محیط	13	708.02	54.463**
Replication/E	تکرار درون محیط	28	43	1.53
Genotype (G)	ژنوتیپ	19	38.778	2.041*
G × E	ژنوتیپ × محیط	274	281.94	1.141**
Error	خطا	532	433.569	0.815

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد.

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

جدول ۳- تجزیه AMMI برای ارزیابی پایداری ۲۰ ژنوتیپ جو در ۱۵ مکان در طی دو سال

Table 3. AMMI analysis for evaluating stability of 20 barley genotypes in 15 environments during 2 years

S O V	منابع تغییر	درجه آزادی df	مجموع مربعات SS	میانگین مجموع مربعات MS
Genotype (G)	ژنوتیپ	19	49.4	2.625**
Environment (E)	محیط	14	716.3	51.162**
G × E	ژنوتیپ×محیط	266	306	1.15**
IPCA1	مؤلفه اصلی اول	32	75.1	2.346**
IPCA2	مؤلفه اصلی دوم	30	57.6	1.92**
IPCA3	مؤلفه اصلی سوم	28	47.1	1.682**
IPCA4	مؤلفه اصلی چهارم	26	32.5	1.249**
G × E Residual	باقیمانده	150	93.7	0.625
Error	اشتباه	570	462.1	0.811
Total	کل	899	1577.6	1.755

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

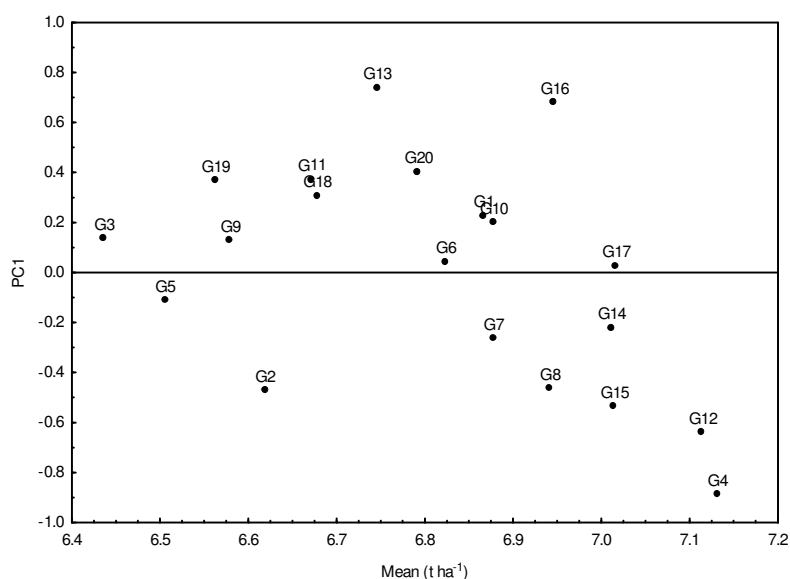
* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

گرفتند دارای اثر متقابل منفی بودند. ژنوتیپ‌هایی که نزدیک محور IPCA1 بودند به عنوان ژنوتیپ‌هایی که دارای کمترین اثر متقابل بودند معرفی شدند. بر این اساس ژنوتیپ‌های ۳ و ۲ به ترتیب اثر متقابل مثبت و منفی داشتند و به دلیل پایین بودن میانگین عملکرد این ژنوتیپ‌ها به عنوان ژنوتیپ‌های ناپایدار و با عملکرد پایین معرفی شدند. ژنوتیپ‌های ۲ و ۵ که در قسمت پایین و سمت چپ نمودار بودند به عنوان ژنوتیپ‌های با بیشترین میزان اثر متقابل منفی شناخته شدند. با توجه به بزرگی میزان اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، تنها ژنوتیپ ۱۷ به عنوان ژنوتیپ پایدار برگزیده شد و بر اساس این مدل (AMMI) قابل توصیه به همه مناطق می‌باشند.

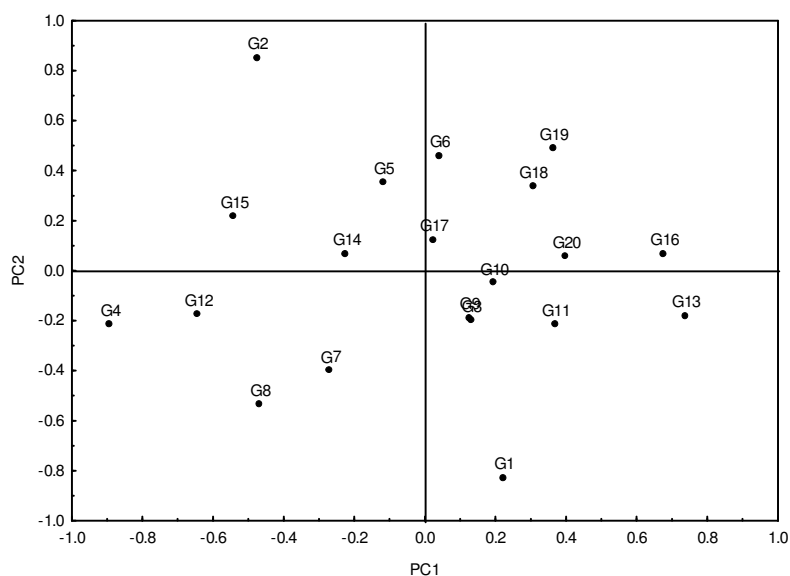
در شکل ۲ از دو محور مؤلفه اصلی (IPCA1 و IPCA2) برای رسم Biplot استفاده شد. در این شکل نیز ژنوتیپ‌هایی که در قسمت بالا و سمت راست نمودار قرار گرفته‌اند نسبت به هر دو محور IPCA1 و IPCA2 اثر متقابل مثبت دارند و ژنوتیپ‌هایی که در قسمت پایین و سمت چپ نمودار قرار گرفته‌اند نسبت به دو محور ذکرشده اثر متقابل منفی دارند.

در مدل AMMI اختلافات در پایداری و سازگاری ژنوتیپ‌ها نسبت به محیط‌های مختلف را می‌توان به شکل مطلوبی با استفاده از Biplot ارزیابی کرد. Biplot رسم شده برای مدل AMMI گرافی است که ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها با هم بر روی آن رسم می‌شوند. مزیت این گراف‌ها این است که روابط بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را قابل مشاهده می‌کنند و بر این اساس می‌توان ژنوتیپ‌های مختلف را برای مناطق خاصی معرفی کرد.

Biplot مدل AMMI1 در شکل ۱ نشان داده شده است. در مدل AMMI1 از IPCA1 استفاده می‌شود. در این شکل محور افقی میانگین عملکرد و محور عمودی IPCA1 است. با توجه به شکل ۲، محور عمودی که از میانگین کل ژنوتیپ‌ها می‌گذرد ژنوتیپ‌ها را به ۲ گروه ژنوتیپ‌های با عملکرد بیشتر از میانگین کل و کمتر از میانگین کل تقسیم کرد. محور افقی که از نقطه صفر محور IPCA1 رد شده است نمودار را به دو قسمت تقسیم کرد. ژنوتیپ‌هایی که در قسمت بالای این محور قرار گرفتند به عنوان ژنوتیپ‌های با اثر متقابل مثبت شناخته شدند و ژنوتیپ‌هایی که در پایین این محور قرار



شکل ۱- نمودار Biplot مدل AMMI1 برای ۲۰ ژنوتیپ جو در ۷ محیط.
Figure 1. Biplot curve of AMMI1 model for 20 barley genotypes in 7 different locations.



شکل ۲- نمودار Biplot مدل AMMI2 برای ۲۰ ژنوتیپ جو در ۷ محیط.
Figure 2. Biplot curve of AMMI2 model for 20 barley genotypes in 7 different locations.

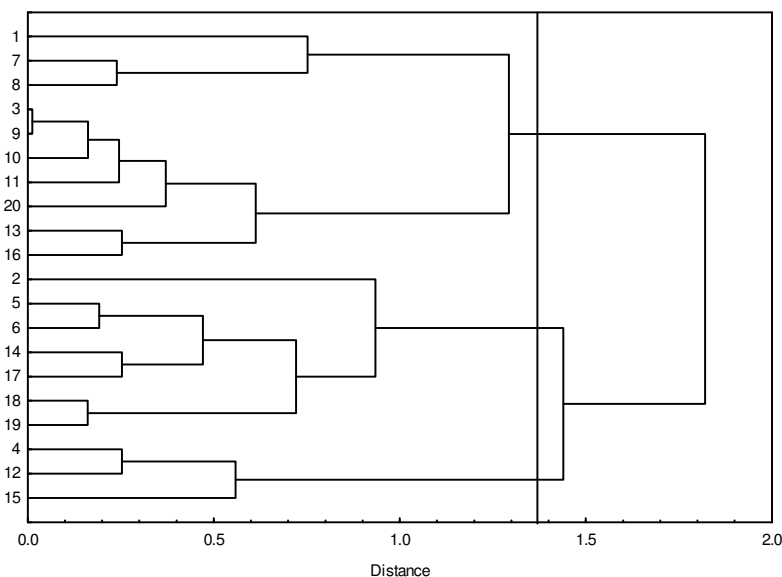
به مرکز نمودار هستند نسبت به هر دو محور IPCA1 و IPCA2 اثر متقابل کمتری خواهند داشت. با توجه به شکل ۲ ژنوتیپ‌های ۱۰ و ۱۷ با کمترین مقدار اثر متقابل نسبت به دو محور به عنوان ژنوتیپ‌های پایدار شناخته شدند و ژنوتیپ‌های ۴، ۲ و ۱ بالاترین مقادیر اثر متقابل

چون اثر متقابل توجیه شده به وسیله IPCA2 کمتر از IPCA1 است بنابراین ژنوتیپ‌هایی که اثر متقابل مثبت یا منفی بالایی نسبت به محور IPCA1 در مقایسه با محور IPCA2 داشته باشند به عنوان ژنوتیپ‌های با اثر متقابل بالا شناخته خواهند شد. ژنوتیپ‌هایی که نزدیک

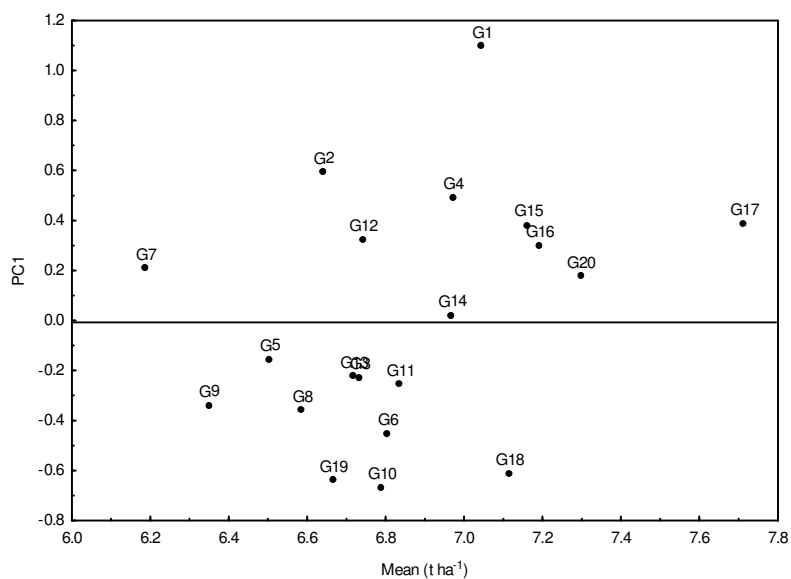
قرار گرفته‌اند، نسبت به هر دو محور $IPCA1$ و $IPCA2$ اثر متقابل مثبت دارند و ژنوتیپ‌هایی که در قسمت پایین و سمت چپ نمودار قرار گرفته‌اند، نسبت به دو محور ذکر شده اثر متقابل منفی دارند. بنابراین ژنوتیپ‌های ۱۲ و ۲۰ پایدارترین بودند و البته ژنوتیپ ۱۷ دارای اثر متقابل مثبت بود. تجزیه خوشه‌ای نیز ژنوتیپ‌ها را به سه گروه تقسیم کرد که ژنوتیپ‌های هر گروه از نظر پایداری مشابه هم هستند (شکل ۶). در شکل ۴ ژنوتیپ‌های ۱۷، ۲۰ و ۱۴ برترین ژنوتیپ‌ها با توجه به عملکرد و پایداری بالا بودند، در صورتی که شکل ۵ به تفکیک ژنوتیپ‌ها بر اساس دو مولفه اول پرداخته و این سه ژنوتیپ را در حالت متفاوت‌تری توصیف می‌کند، ولی گروه‌بندی‌های قابل استنباط در شکل ۵ به خوبی در دندوگرام شکل ۶ قابل توضیح می‌باشند. در شکل ۶ ژنوتیپ‌های ۱۷ و ۱۴ در یک خوشه و ژنوتیپ شماره ۲۰ با فاصله زیاد در خوشه جداگانه‌ای قرار گرفته است.

را دارا بودند. تجزیه کلاستر نیز ژنوتیپ‌ها را به ۳ گروه تقسیم کرد (شکل ۳). در شکل ۲ نتایج مشابهی با شکل ۱ و شکل ۳ حاصل شده است. علت تفاوت‌های نقاط قرار گرفتن ژنوتیپ‌ها به واسطه تغییر محور طول‌ها از میانگین عملکرد به $IPC1$ است. تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس نتایج AMMI در شکل ۳ مشاهده می‌شود. ژنوتیپ‌های گروه پر پتانسیل با پایداری کمتر در پایین‌ترین کلاستر جدا شده و ژنوتیپ شماره ۱۷ با ژنوتیپ شماره ۱۴ در نزدیک‌ترین گروه به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها که حائز برتری عملکرد نیز می‌باشند تعریف شده است. در فاصله‌ای دورتر دو ژنوتیپ ۵ و ۶ به عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها به این کلاستر ملحق شده‌اند. بنابراین نتایج تجزیه AMMI در نمودار شکل‌ها و دندوگرام شکل ۳ با هم هماهنگی دارند.

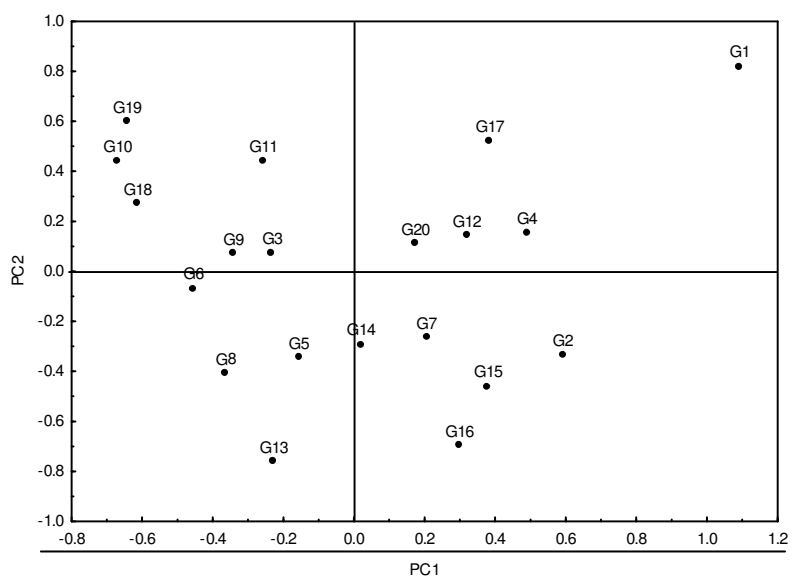
در سال دوم نیز ژنوتیپ ۱۷ بر اساس میانگین عملکرد در مقابل مقادیر $IPCA1$ پایدارترین ژنوتیپ بود (شکل ۴). در شکل ۵ از دو محور مولفه اصلی ($IPCA1$ و $IPCA2$) برای رسم Biplot استفاده شد. در این شکل نیز ژنوتیپ‌هایی که در قسمت بالا و سمت راست نمودار



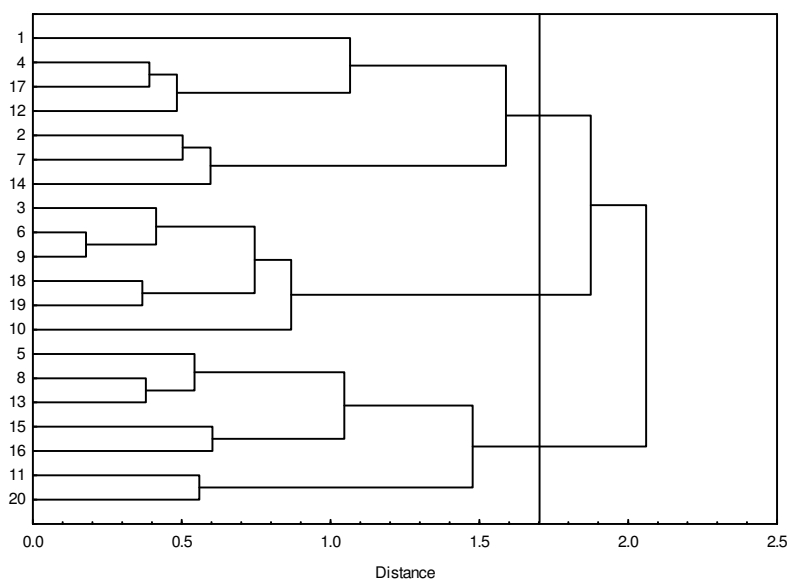
شکل ۳- تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های جو بر اساس مولفه‌های اصلی اول و دوم حاصل از مدل AMMI در سال اول.
Figure 3. Cluster analysis of barley genotypes on the basis of PC1 and PC2 from AMMI model in first year.



شکل ۴- نمودار Biplot مدل AMMI1 برای ۲۰ ژنوتیپ جو در ۸ محیط.
 Figure 4. Biplot curve of AMMI1 model for 20 barley genotypes in 8 different locations.



شکل ۵- نمودار Biplot مدل AMMI2 برای ۲۰ ژنوتیپ جو در ۸ محیط.
 Figure 5. Biplot curve of AMMI2 model for 20 barley genotypes in 8 different locations.



شکل ۶- تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های جو بر اساس مولفه اصلی سوم حاصل از مدل AMMI در سال دوم.
Figure 6. Cluster analysis of barley genotypes on the basis of IPCA3 from AMMI model in second year.

بیشتری تکرار شوند، همبستگی زیادی بین پارامترهای پایداری AMMI وجود خواهد داشت. اکبرپور و همکاران (Akbarpour *et al.*, 2011) با استفاده از پارامترهای پایداری AMMI از میان ۲۰ لاین امیدبخش جو که مورد مطالعه قرار دادند، نشان دادند که علاوه بر امکان غربال ژنوتیپ‌هایی با سازگاری خصوصی به مناطق مختلف، در مجموع با استفاده از پارامترهای محاسبه شده، یکی از ژنوتیپ‌ها حائز سازگاری عمومی با طیف کم تغییرات در هشت ایستگاه مورد مطالعه بود. نتایج به دست آمده در مقایسه با نتایج فتاحی و یوسفی (Fattahi and Yossefi, 2006) و نتایج حاصل از این تحقیق مغایرت نسبی نشان می‌دهد.

نتایج دو سال در شکل ۷ ارایه شده است که ژنوتیپ ۱۷ پایدارترین و در عین حال بیشترین عملکرد را دارا است. اگر چه ژنوتیپ شماره ۵ به عنوان ژنوتیپ کم بازده ولی بسیار پایدار می‌باشد. در شکل ۸ از دو محور مؤلفه اصلی (IPCA1 و IPCA2) برای رسم Biplot استفاده شد. در مدل بای‌پلات AMMI ژنوتیپ‌هایی که در مرکز بای‌پلات وجود دارند از پایداری عمومی برخوردارند و قابل

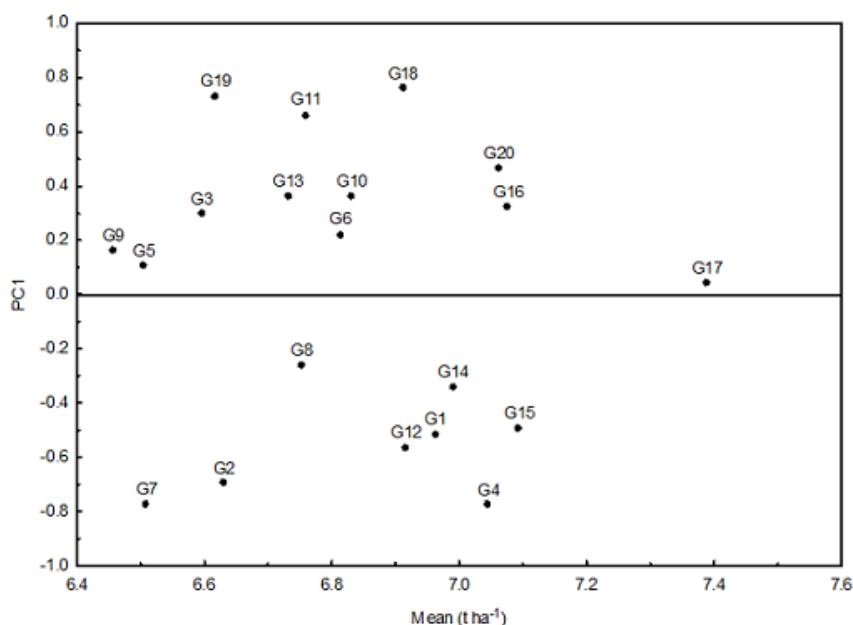
در تحقیق شاه محمدی و همکاران (Shahmohammadi *et al.*, 2004) اگرچه دو مؤلفه اول سهم ناچیزی از اثر متقابل را به خود اختصاص دادند، ولی از تفسیر بای‌پلات امی برای ژنوتیپ‌های پایدار استفاده نمودند. فتاحی و یوسفی (Fattahi and Yossefi, 2006) به منظور بررسی پایداری عملکرد ۱۹ ژنوتیپ جو در هشت ایستگاه منطقه معتدل از مدل AMMI استفاده نمودند و نشان دادند که آماره‌های مستخرج از این مدل در تشخیص ژنوتیپ ایده‌آل از حیث پایداری و سازگاری عملکرد بسیار کارآمد بودند. نتایج حاصل از این تحقیق نیز مشابه آنچه که فتاحی و یوسفی (Fattahi and Yossefi, 2006) گزارش کردند، مبین توانایی مدل AMMI در تشخیص پایدارترین ژنوتیپ‌های مورد بررسی می‌باشد. در تحقیقی محمدی نژاد و رضایی (Mohammedinejad and Rezai, 2005) از روش AMMI برای تفسیر اثر متقابل ۹ ژنوتیپ یولاف در شش محیط استفاده نمودند. در مطالعه ای اسنلر و همکاران (Sneller *et al.*, 1997) بیان داشتند در مواقعی که آزمایشات در چندین سال و در مکان‌های

سایر اشکال همپوشانی نسبی جهت تفسیر گروه‌بندی‌ها مشاهده می‌شود.

در مجموع لایه‌ن شماره ۱۷ (MAKOUEE//ZARJOW/80-5151) با توجه به معیار پایداری مورد استفاده، پایداری مطلوب‌تری را نشان داد که این ژنوتیپ به عنوان ژنوتیپ برتر از حیث پر محصولی و پایداری عملکرد شناسایی گردید و به برنامه‌های به زراعی و آزمایش‌های تحقیقی تطبیقی پیشنهاد شد.

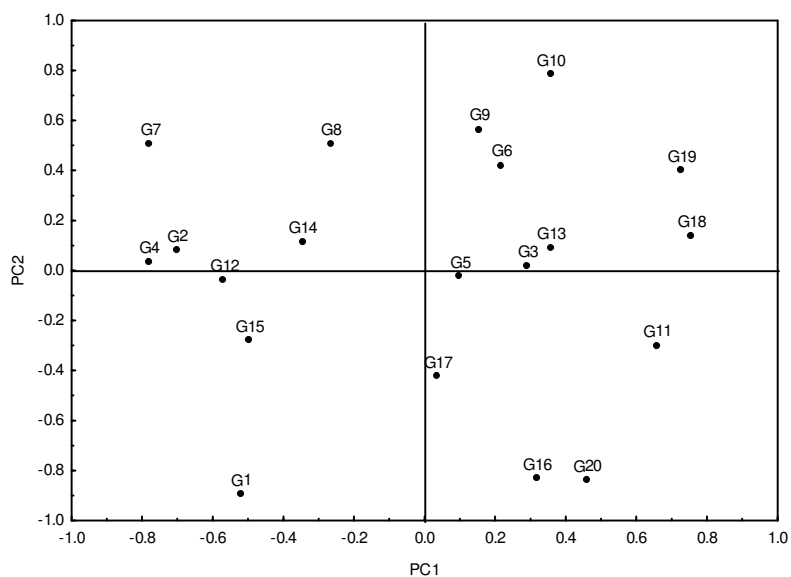
در پایان چنین نتیجه‌گیری شد که اگرچه به‌نژادی ارقام سازگار و پایدار برای پهنه گسترده اقلیم سرد مشکلات خاص خود را دارد، اما اطلاعات حاصل از تجزیه پایداری برای انتخاب ژنوتیپ‌های پر محصول و با سازگاری عمومی و یا خصوصی، می‌تواند راه حل مناسبی برای حل این مشکلات باشد.

توصیه برای اکثر محیط‌ها می‌باشند و ژنوتیپ‌هایی که دور از مرکز قرار دارند دارای پایداری خصوصی می‌باشند (Gauch and Zobel, 1996). در شکل ۸ هردو ژنوتیپ ۱۷ و ۵ به واسطه برتری از نظر پایداری در نزدیکی مرکز مختصات تعریف شده‌اند. تجزیه کلاستر نیز ژنوتیپ‌ها را به ۳ گروه تقسیم کرد که ژنوتیپ‌های هر گروه از نظر پایداری شبیه هم هستند (شکل ۹). به طور کلی وضعیت ژنوتیپ‌ها در نمودار AMMI نسبت به پلات PC1 و PC2 بیشتر شبیه و تفسیر گروه‌بندی حاصله با نتایج کلاستر (شکل ۹) مغایر است. علت این امر تفاوت در معیارهای پلات کردن داده‌ها است، و به‌طور اخص معیار تعیین ژنوتیپ‌ها در شکل‌های ۸ و ۹ مطابق معیار سازگاری نمی‌باشد که باعث اختلاف در نتایج AMMI و کلاستر است. به طور کلی نمودارهای کلاستر و پلات‌های PC1 و PC2 نتایج مشابهی را تولید و تفسیر می‌نمایند، ولی با توجه به اشتراک PC1 در نمودارهای ۱، ۴ و ۷ با

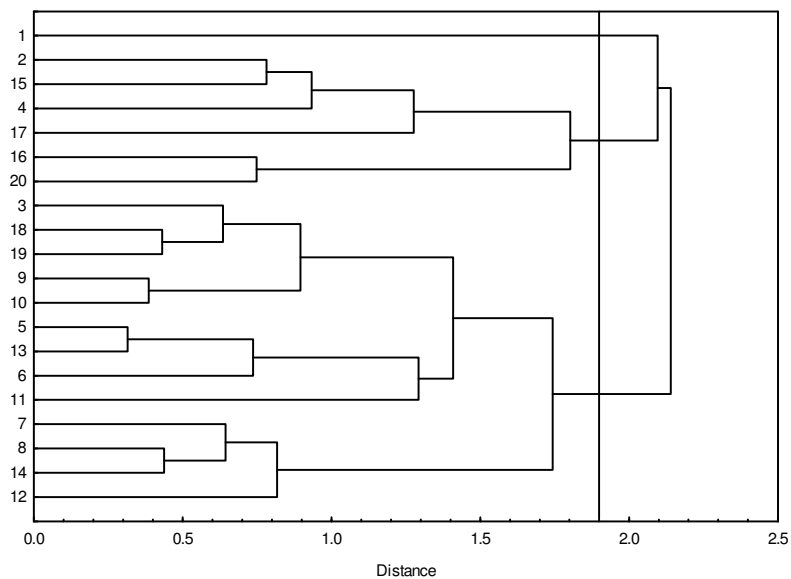


شکل ۷- نمودار Biplot مدل AMMI1 برای ۲۰ ژنوتیپ جو در ۱۵ محیط در طی دو سال.

Figure 7. Biplot curve of AMMI1 model for 20 barley genotypes in 15 different locations during two years.



شکل ۸- نمودار Biplot مدل AMMI2 برای ۲۰ ژنوتیپ جو در ۱۵ محیط در طی دو سال.
 Figure 8. Biplot curve of AMMI2 model for 20 barley genotypes in 15 different locations during two years.



شکل ۹- تجزیه کلاستر ژنوتیپها بر اساس ۴ IPCA در دو سال.
 Figure 9. Cluster analysis of genotypes on the base of the 4 IPCA in two years using AMMI model.

References

- Akbarpour, O. A., Dehghani, H. and Sorkhi-Lalehloo, B. 2011.** Investigating univariate and multivariate Stability parameters of Barley (*Hordeum vulgare* L.) promising genotypes in cold climates of Iran . **Iranian Journal of Field Crop Science** 42: 23-32. (In Persian).
- Brandiej, E. and Meverty, B. E. 1994.** Genotypexenvironmental interaction and stability of seed yield of oil rapeseed. **Crop Science** 18: 344-353.
- Cornelius, P. L. and Crossa, J. 1999.** Prediction assessment of shrinkage estimators of multiplicative models for multi-environment cultivar trials. **Crop Science** 39: 98-1009.
- Falconer, D. S. 1981.** Introduction to Quantitive Genetics. 2nd ed. Longman Press. London.
- FAOSTAT. 2009.** FAO Statistical Data. www.faostat.org.
- Fattahi, F. and Yossefi, A. 2006.** Evaluation of yield stability of barley genotypes (*Hordeum vulgare* L.) using repeatable stability parameters and pattern analysis of AMMI model. **Iranian Journal of Agricultural Science** 37: 317-326. (In Persian).
- Gauch, H. G. 1988.** Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics** 44: 705-715.
- Gauch, H. G. 2006.** Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science** 46: 1488-1500.
- Gauch, H. G. and Zobel, R. W. 1988.** Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. **Theoretical and Applied Genetics** 76: 1-10.
- Gauch, H. G. and Zobel, R. W. 1996.** AMMI analysis of yield trials. In: Kang, M. S. and Gauch, H. G. Jr. (Eds.), Genotype-by-environment interaction. CRC Press, Boca Raton. pp. 85-122.
- Kaya, Y., Palta, C. and Taner, S. 2002.** Additive main effects and multiplicative interactions analysis of yield performances in bread wheat genotypes across environments. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry** 26: 275-279.
- Mohammadinejad, G. and Rezai, A. M. 2005.** Analysis of GenotypexEnvironment Interaction and Study of Oat (*Avena sativa* L.) Genotypes Pattern. **Agriculture and Natural Resources** 9 (2): 89-107. (In Persian).
- Perkins, J. M. and Jinks, J. L. 1971.** Environmental and genotype environment components of variability.III. Muliple line and crosses. **Heredity** 23: 339-356.
- Pham, H. N. and Kang, M. S. 1988.** Interrelationships among and repeatability of several stability statistics estimated from international maize trials. **Crop Science** 28: 925-928.
- Roy, D. 2000.** Plant breeding analysis and exploitation of variation. Alpha Science International Ltd. U. K.
- Shahmohammadi, M., Dehghani, H. and Yossefi, A. 2004.** Additive main effect and multiplicative interaction analysis (AMMI) in barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes. **Seed and Plant** 20 (4): 405-416. (In Persian).
- Sneller, C. H., Kilgore-Norquest, L. and Dombek, D. 1997.** Repeatability of Yield Stability in Soybean. **Crop Science** 37: 383-390.
- Yan, W., Kang, M. S., Ma, B., Woods, S. and Cornelius, P. L. 2007.** GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science** 47: 643-655.
- Zobel, R. W., Madison, A. W. and Gauch, H. G. 1988.** Statistical of yield trial. **Agronomy Journal** 80: 388-393.

Study on Stability of Elite Barley(*Hordeum vulgare* L.) Genotypes for Cold Regions of Iran Using AMMI Method

Ahmad Reza Koocheki^{1*}, Behzad Sorkhi² and Mohammad Reza Eslamzadeh Hesari³

1 and 2. Staff Members, Dept. of Cereal Research, Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran,
3. MSc., Agricultural Expert, Karaj, Iran

(Received: November 6, 2012 - Accepted: February 18, 2013)

Abstract

Performance of a given genotype might vary from one location to another one, which is called genotypexenvironment (GxE) interaction. The study of GxE interaction and identification of stable and high performance varieties is important for breeders. In the present study, stability and adaptability of 20 barley genotypes was studied in uniformity trials using randomized complete block design with three replications at 8 cold regions during two consecutive cropping seasons (2005 and 2006). Results of AMMI analysis showed that the genotype and environment main effects, GxE interaction and four principal components of interaction effect were significant at 1% probability level. First and second principal components were used to draw biplot curve. Cluster analysis grouped the studied genotypes into three groups. Overall, the promising line No. 17 (MAKOUEE//ZARJOW/80-5151) was recognized as the best genotype examined in terms of being a high yielding and stable genotype. Therefore, this genotype was recommended for on-farm trials and release. It was concluded that although breeding stable and adaptable cultivars for such a vast climatic zone is difficult, it is possible to seek for the best fitted genotypes to both narrow and wide adaptations using the information extracted from the stability analyses performed.

Keyword: AMMI method, Barley, Genotypexenvironment interaction, Yield stability

*Corresponding author: arkoocheki@yahoo.com