DOI: http://dx.doi.org/10.22092/ijrfpbgr.2011.10049

دو فصلنامهٔ علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۱۹، شمارهٔ ۱، صفحهٔ ۱۵۲-۱۳٤ (۱۳۹۰)

تجزیه الگوي اثر متقابل ژنوتیپ و محیط براي عملکرد علوفه در فسکیوي بلند با استفاده از روش چند متغیره AMMI

محمدمهدی مجیدی*[۱] ، پروانه عسکری‌نیا[۲]، فاطمه امینی[۲]، مریم ابراهیمیان[۲] و آقافخر میرلوحی[۳]

۱*- نویسنده مسئول مکاتبات، استادیار اصلاح نباتات، دانشگاه صنعتی اصفهان، پست الکترونیک: mahdimajidi@yahoo.com

۲- کارشناس ارشد اصلاح نباتات، دانشگاه صنعتی اصفهان

۳- استاد اصلاح نباتات، دانشگاه صنعتی اصفهان

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۰۵/۱۹ تاریخ پذیرش: ۱۳۸۹/۱۲/۱۵

چکیده

این مطالعه به منظور بررسی الگوی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط برای عملکرد علوفه ۲۵ ژنوتیپ فسکیوی بلند در ۷ محیط (ترکیب سال و مکان) انجام شد. تجزیه آثار افزایشی جمع‌پذیر و آثار متقابل ضرب‌پذیر نشان داد که آثار ژنوتیپ، محیط و اثر متقابل بین آنها بسیار معنی‌دار بود و سه مؤلفه اول ۸۹ درصد از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه نمودند. براساس نمودار بای‌پلات اولین مؤلفه اصلی و میانگین عملکرد علوفه برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها، ژنوتیپ‌های شماره ۸ و ۲۰ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌های پرمحصول شناسایی شدند. ژنوتیپ‌های ۱، ۱۲و ١٤ در مرتبه دوم به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول جای گرفتند. نمودارهای تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی ترسیم شده براساس دو مؤلفه اول و معنی‌دار مدل برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و همچنین تجزیه خوشه‌ای براساس آماره‌های پایداری مدل $AMMI_3$ شامل $SIPC_3$ و EV_3 نشان داد که ژنوتیپ ۸ با داشتن عملکرد بیش از میانگین، سازگاری عمومی مطلوب دارد. ژنوتیپ‌های ۱، ۹ و ۱۲ پایداری متوسط تا ضعیف داشتند و ژنوتیپ‌های ۱۰، ۱۳، ۱۹ و ۲۵ به‌عنوان ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها شناخته شدند. براساس نتایج بدست‌آمده می‌توان ژنوتیپ‌های ۲و ١٦ و ۱۷ را واجد سازگاری خصوصی به محیط‌های با آبیاری مطلوب (سال‌های ۸۷ و ۸۸ ارزیابی در اصفهان) و ژنوتیپ ۱۸ را واجد سازگاری خصوصی به شرایط کمبود آب آبیاری (سال‌های ٨٦ و ۸۷ ارزیابی در لورک) دانست. نتایج نشان داد که محیط‌های مورد ارزیابی همگی در ایجاد اثر متقابل سهم داشتند و کمبود آب آبیاری به شدت بر عملکرد ژنوتیپ‌ها تأثیرگذار بود.

واژه‌های کلیدی: اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، تجزیه امی، الگوی واکنش ژنوتیپی، فسکیوی بلند.

مقدمه

فسکیوی بلند یکی از گونه‌های هگزاپلوئید، چندساله و سردسیری گراس‌های علوفه ایست که به دلیل خصوصیاتی همچون توان سازگاری به شرایط مختلف محیطی و تولید بالا از اهمیت خاصی برخوردار است (Saha *et al*., 2005). این گیاه ازجمله گراس‌های پرتولید و پربنیه محسوب شده و بیشتر عوامل نامساعد و تنش‌های محیطی را تحمل می‌کند، به طوری که با داشتن سیستم ریشه‌ای قوی و دیرزیستی بالا به‌عنوان یکی از اجزای اصلی مراتع محسوب شده و در کشت زراعی نیز به تنهایی و یا بصورت مخلوط با لگوم‌ها، به لحاظ کمی و کیفی علوفه مطلوبی تولید می‌نماید (Gibson & Newman, 2001). در این خصوص Mirzaie-Nodoushan و همکاران (۲۰۰۲) با استفاده از پروتئین‌های ذخیره‌ای، تنوع ژنتیکی در نه جمعیت فسکیوی بلند را بررسی کردند. مطالعات اصلاحی پایه قبلی در داخل کشور بر روی ژرم‌پلاسم متنوع، منجر به شناسایی و معرفی ژنوتیپ (کلن)های برتر گردیده‌است (Majidi *et al*., 2009; Majidi & Mirlohi, 2009). از آنجایی که پس ازتولید ژنوتیپ‌های نویدبخش در هر گونه، تعیین درجه پایداری محیطی آنها و شناسایی ارقام سازگار با محیط‌های خاص و ارقام با سازگاری عمومی از اهمیت خاصی برخودار است (Basfor & Cooper, 1998)، انجام مطالعات اصلاحی تکمیلی به‌ویژه بررسی پایداری کلن‌های ایجاد شده ضروریست. از آنجایی‌که بین ظهور صفات و سازگاری عمومی ارتباط قوی پیدا نشده، بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط موثرترین روش برای شناسایی ارقام سازگار می‌باشد. جهت بررسی اثر متقابل چندین روش پیشنهاد شده است که به طورکلی به دو گروه اصلی روش‌های پایداری تک متغیره و چند متغیره تقسیم می‌شوند. روش تجزیه رگرسیون میانگین ژنوتیپ‌ها روی ارزش‌های محیطی از مهمترین روش‌های تک متغیره است، که توسط Yiats و Cochran (۱۹۵۶)؛ Finlay و Wilkinson (۱۹۶۳)؛ Eberhart و Russel (۱۹۶۶) معرفی و مورد استفاده قرار گرفته است.

در بین روش‌های چند متغیره، روش بررسی آثار اصلی جمع‌پذیر و آثار متقابل ضرب‌پذیر یا AMMI (Additive Main effect and Multiplicative Interaction) به طور گسترده‌ای در برآورد اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و بعضی ژنوتیپ‌های پایدار مورد استفاده قرار گرفته است (Akcura *et al*., 2005; Guach & Zobel, 1997; Yan & Hunt, 2001). روش امی ترکیبی از تجزیه واریانس و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است که می‌توان از آن برای بررسی پایداری ژنوتیپ‌ها استفاده کرد. در روش امی ابتدا با استفاده از تجزیه واریانس معمول اثرهای اصلی جمع‌پذیر ژنوتیپ و محیط برآورد می‌شوند، سپس با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، اثر متقابل ضرب‌پذیر (غیر جمع‌پذیر) مورد تجزیه و تحلیل قرار می‌گیرد (Zobel *et al*., 1988). علت استفاده گسترده از روش امی این است که این مدل بخش بزرگی از مجموع مربعات اثر متقابل را توجیه می‌کند و اثرهای اصلی و آثار متقابل را از یکدیگر تفکیک می‌کند (Ebdon & Gauch, 2002). همچنین از نتایج حاصل از این روش برای پایه‌ریزی در برنامه‌های اصلاحی نظیر سازگاری خصوصی و انتخاب محیط مناسب استفاده می‌شود (Guach & Zobel, 1997).

محققان دیگری ازجمله Guach (۱۹۹۲) و Guach &

Zobel (۱۹۹۷) اظهار داشتند که مدل امی بخش عمده‌ای از مجموع مربعات اثر متقابل را که دارای الگوی خاصی هستند، توجیه می‌نماید که این مسئله سبب افزایش دقت بررسی می‌گردد. همینطور Tarakanovas & Ruzgas (۲۰۰٦) نیز روش امی را به‌عنوان یک روش مؤثر برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط معرفی کردند و بیان نمودند که نتایج بای‌پلات حاصل از آن می‌تواند ارقام مناسب را برای کشت در محیط‌های مختلف و یا ارقام را برای کشت در شرایط محیطی خاص مشخص سازد. طبق نظر Guach و Zobel (۱۹۹۷)، Yan و Hunt (۲۰۰۱) و Akcura و همکاران (۲۰۰۵) داشتن دو مؤلفه اول معنی‌دار در مدل امی بهترین حالت جهت بررسی اثر متقابل ژنوتیپ و محیط است. از مدل امی برای آنالیز اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و انتخاب ژنوتیپ‌های پایدار در آزمایش‌های عملکرد برخی گراس‌های چمنی (Ebdon & Gauch, 2002)، ژنوتیپ‌های شبدر سفید (Tarakanovas & Sprainaitis, 2005)، ژنوتیپ‌های چاودار علوفه‌ای (Van Eeuwijk & Elgersmat, 1993) نیز استفاده شده است. بررسی سازگاری ژنوتیپ‌های جدید از ارکان اصلی برنامه‌های اصلاحی گیاهان علوفه‌ایست. بر این اساس، هدف از این پژوهش تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی ژنوتیپ‌های مختلف فسکیوی بلند (گزینش شده از جوامع پایه) براساس مدل امی، به منظور درک بهتر از اثر متقابل ژنوتیپ و محیط و تعیین میزان سازگاری عمومی و خصوصی آنها بود.

مواد و روشها

مواد ژنتیکی مورد استفاده در این پژوهش بر مبنای مطالعه قبلی که بر روی ژرم‌پلاسم فسکیوی بلند انجام شد انتخاب گردیدند (Majidi *et al*, 2009). به طوری که از درون جوامع پایه اولیه تعداد ۲۵ ژنوتیپ بر مبنای شاخص‌های انتخاب مستقل (Fehr, 1987) شناسایی و جهت کلن کردن به خزانه مزرعه داخلی دانشگاه صنعتی اصفهان، واقع در ۲۲ کیلومتری شمال غربی اصفهان، منتقل گردیدند. منشأ و نام ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در جدول ۱ آمده است. کلن‌های این ژنوتیپ‌ها در ۷ محیط مختلف در ٤ تکرار در قالب طرح بلوک کامل تصادفی ارزیابی شدند (جدول۲). در محیط‌های اول تا پنجم آبیاری براساس نیاز آبی گیاه (آبیاری کافی) انجام شد در حالی که در دو محیط دیگر اعمال آبیاری با محدودیت همراه بود. بطوری که تنها ۵۰ درصد نیاز آبی گیاه براساس اندازه‌گیری رطوبت خاک تامین گردید.

جدول ۱- کد و منشأ اولیه ۲۵ ژنوتیپ مورد بررسی در تجزیه پایداری

منشأ توده اولیه	کد	شماره
اصفهان- کلکسیون یزد آباد	L2P6R1	g۱
کهکیلویه و بویر احمد- یاسوج۱	L6P3R1	g۲
کهکیلویه و بویر احمد- یاسوج۲	L6P2R3	g۳
اصفهان- مبارکه۱	L12P5R1	g٤
اصفهان- مبارکه۲	L12P4R3	g٥
اصفهان- داران۱	M9P5R3	g٦
اصفهان- داران۲	M9P6R3	g۷
اصفهان- بانک ژن فزوه۱	M10P4R2	g۸
اصفهان- بانک ژن فزوه۲	M10P6R2	g۹
رقم تجاری خارجی – آمریکا- New Jersey	N1P6R2	g۱۰
خارجی- مجارستان۱	N10P5R2	g۱۱
خارجی- مجارستان۲	N10P2R3	g۱۲
خارجی- مجارستان۱- Csesznek	N12P3R1	g۱۳
خارجی- مجارستان۲- Csesznek	N12P6R1	g۱٤
اصفهان- کلکسیون یزد آباد	O6P5R2	g۱٥
اصفهان- بانک ژن فزوه۳	O8P6R2	g۱٦
اصفهان- بانک ژن فزوه٤	O8P4R3	g۱۷
سمنان- شاهرود۱	A4P6R1	g۱۸
سمنان- شاهرود۲	A4P2R2	g۱۹
اصفهان- بانک ژن فزوه٥	G9P2R2	g۲۰
اصفهان- بانک ژن فزوه٦	G9P3R2	g۲۱
خارجی- لهستان۱	J6P6R1	g۲۲
خارجی- لهستان۲	J6P2R3	g۲۳
سمنان- شاهرود۱	V3P5R3	g۲٤
سمنان- شاهرود۲	V3P4R2	g۲٥

جدول ۲- مشخصات محیط‌های مورد بررسی برای ژنوتیپ‌های فسکیوی بلند[+]

محیط	مشخصات	Rain (mm)	Tmin (o C)	Tmax (o C)
e۱	ارزیابی در مزرعه داخلی دانشگاه صنعتی اصفهان (آبیاری کافی) در سال ۸٤	۱۷۰	۹/۹	۲٤/۷
e۲	ارزیابی در مزرعه داخلی دانشگاه صنعتی اصفهان (آبیاری کافی) در سال ۸۵	۲۱۳	۹/۵	۲۳/۵
e۳	ارزیابی در مزرعه داخلی دانشگاه صنعتی اصفهان (آبیاری کافی) در سال ۸٦	۱۱۱	۹/۲	۲۳/۷
e٤	ارزیابی در مزرعه داخلی دانشگاه صنعتی اصفهان (آبیاری کافی) در سال ۸۷	۱۱۹	۹/٦	۲٤/۱
e۵	ارزیابی در مزرعه داخلی دانشگاه صنعتی اصفهان (آبیاری کافی) در سال ۸۸	۱۷۹	۹/۸	۲٤/۲
e٦	ارزیابی در مزرعه تحقیقاتی لورک نجف آباد (محدودیت آبیاری) در سال ۸٦	۹۱	٦/۷	۲۳/۹
e۷	ارزیابی در مزرعه تحقیقاتی لورک نجف آباد (محدودیت آبیاری) در سال ۸۷	۱۰۹	۷/۱	۲٤/۱

Tmax: متوسط سالانه دمای ماکزیمم، Tmin: متوسط سالانه دمای مینیمم، Rain: مقدار تجمعی سالانه نزولات جوی بر حسب میلی‌متر

در هر محیط برداشت علوفه در مرحله گرده‌افشانی انجام گردید و پس از خشک کردن علوفه به مدت ٤۸ ساعت در دمای آون ۷۰ درجه، عملکرد علوفه خشک محاسبه گردید. سپس داده‌ها برای انجام تجزیه پایداری به روش امی(Zobel *et al.*, 1988) و براساس مدل زیر مورد استفاده قرار گرفتند.

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + e_j + \Sigma_i \delta_n \xi_{in} \eta_{jn} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

در این رابطه، Y_{ijk} عملکرد رقم i در محیط j در تکرار k، μ میانگین کل، g_i اثر اصلی رقم i، e_j اثر اصلی محیط j و δ_nارزش منفرد مربوط به n امین محور است که مساوی با جذر ریشه مشخصه مؤلفهnام($\lambda^{0.5}$) است. ξ_{in} بردار ویژه ژنوتیپ برای مؤلفه nام، η_{jn} بردار ویژه محیط برای مؤلفه nام، θ_{ij} میزان نویز یا باقیمانده مدل، ε_{ijk} خطای مدل و n تعداد مؤلفه اصلی اثر متقابل است که برابر **{ n ≤ min (g-1), (e-1)}** می‌باشد.

همچنین دو آماره SIPC (Sums of the absolute value of the IPC score) و EV (Eigen vector Value) برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها با استفاده از فرمول‌های زیر محاسبه شدند (Crossa *et al.*, 1990). در این روابط $\lambda^{0.5}$جذر ریشه مشخصه مؤلفه nام و ξ_{in} بردار ویژه ژنوتیپ برای مؤلفه nام می‌باشد.

$$SIPC = \Sigma_n \left| \lambda^{0.5} \delta_{in} \right|$$

$$EV = \Sigma n \, \delta in2 / N$$

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها و همچنین تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر مبنای مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم و آماره‌های پایداری مدل AMMI انجام شد. در نهایت ترسیم بای‌پلات اولین مؤلفه اصلی با میانگین و اولین و دومین مؤلفه اصلی جهت تفسیر بهتر آثار متقابل ژنوتیپ و محیط و انتخاب ارقام با سازگاری به نواحی خاص ترسیم شد. در این تحقیق جهت تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم‌افزارSPSS و SAS استفاده گردید.

نتایج

جدول ۳ نتایج تجزیه واریانس عملکرد علوفه را براساس روش AMMI نشان می‌دهد. در این جدول منابع تغییر جمع‌پذیر یعنی آثار اصلی محیط و ژنوتیپ مطابق با جدول تجزیه واریانس مرکب براساس روش ابرهات و راسل می‌باشند و اثر متقابل ژنوتیپ و محیط به سه مؤلفه اصلی معنی‌دار ($p < 0.01$) تفکیک گردیده است. بقیه مؤلفه‌ها با یکدیگر ادغام شده و نویز را تشکیل دادند. اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در حدود ۱۸/۲ درصد از مجموع مربعات کل را به خود اختصاص داد. سهم اثر متقابل از درجه آزادی کل ۲۰/٦ درصد بود. در مدل امی سهم اولین مؤلفه اصلی از اثر متقابل ژنوتیپ و محیط ۵۵ درصد بود و سه مؤلفه اول ۸۹ درصد از اثر متقابل را تبیین نمودند که اعتبار و دقت بالای استفاده از مدل امی در این تحقیق را نشان می‌دهد.

جدول ۳- تجزیه واریانس اثر متقابل ژنوتیپ و محیط برای عملکرد علوفه ژنوتیپ‌های فسکیوی بلند در ۷ محیط به روش AMMI

منبع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات	F
مدل	۱۷٤	٥٥۳۹/٥	۷/٦٥**
ژنوتیپ	۲٤	۱٦٥۸۷/٦	۹/۸**
محیط	٦	٥۳٥۸۹/۲	۷۷/۲۱**
ژنوتیپ* محیط	۱٤٤	۱٦۹٦/۱٤	۲/۳٤**
IPC_1	۲۹	٤٦٦۰/٥	۱۱/٥**
IPC_2	۲۷	۲۱۸۰/٤	٥/٤**
IPC_3	۲٥	۹۹۱/۸	۲/٥**
نویز	٦۳	٤۰۳/٦	۰/٥٦ns
تکرار در محیط	۲۱	٦۹٤	
خطای آزمایش	٥۰٤	۷۲۳/۹	

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد است و ns بیانگر غیر معنی‌دار بودن منبع تغییر می‌باشد.

میانگین مربعات محیط با تکرار در محیط آزمون شده است. اثر متقابل ژنوتیپ و محیط با خطای آزمایش، IPCها با نویز و نویز با خطای آزمایش آزمون شده است.

جدول ٤- پارامترهای اثر متقابل ژنوتیپ * محیط در مدل امی برای ژنوتیپ‌های فسکیوی بلند

ژنوتیپ	ξ_1	ξ_2	ξ_3
g۱	۰/۰۷	۰/۳۷	۰/۰۰۷
g۲	۰/۱٤	۰/۰٦	۰/۱۸
g۳	−۰/۰۱	−۰/۰۰۱	۰/۰۱
g٤	−۰/۱۳	۰/٤۷	−۰/۲۵
g۵	−۰/۱۵	−۰/۱٦	۰/۳۵
g٦	−۰/۰۷۵	۰/۰۰۷	۰/۱٦
g۷	۰/۲۱	−۰/۰۹۸	۰/۱٦
g۸	۰/۰۳۷	−۰/۰۳۵	−۰/۲٤
g۹	۰/۱۳۵	۰/۲	۰/۳
g۱۰	۰/۲٦	−۰/۱٤	−۰/۳۸
g۱۱	−۰/۱	−۰/۸۲	−۰/۳۸
g۱۲	۰/۰۲۷	۰/۱	۰/۳۹
g۱۳	۰/۰۸۸	−۰/۰۳۸	۰/۱۲
g۱٤	۰/۰۲	−۰/۰۷۷	−۰/۰۰۲
g۱۵	−۰/۱٦	−۰/۰۱٦	۰/۱٤
g۱٦	۰/۱۱	۰/۰۵	۰/۱۱
g۱۷	۰/۲۳	۰/۰۲۷	−۰/۳٤
g۱۸	−۰/۲۸	۰/۰۲	−۰/۳۵
g۱۹	۰/۲۳	−۰/۱٤٦	−۰/۱۹
g۲۰	−۰/۰۲۸	۰/٤۷	−۰/۱
g۲۱	−۰/۳	−۰/۹۵	۰/۱٦
g۲۲	−۰/۰۰۳	−۰/٤۲	−۰/۱۳
g۲۳	−۰/٦۱	−۰/۱٦	−۰/۰٦
g۲٤	۰/۰۰۵	−۰/۱	−۰/۲۳
g۲۵	۰/۳	−۰/۲	−۰/۰۹

ξ_1، ξ_2 و ξ_3 بردارهای ویژه ژنوتیپی برای سه مؤلفه اول می‌باشند

جدول۵ - پارامترهای اثر متقابل ژنوتیپ* محیط در مدل امی برای محیط‌های مورد بررسی[1]

محیط[2]	ζ_1	ζ_2	ζ_3
e۱	-۰/۲٤	-۰/۱۵	۰/٦۱
e۲	۰/۱٤	-۰/۸۳	۰/۰۰٤
e۳	۰/۱۵	-۰/۰٤	-۰/۷۳
e٤	۰/٤۷	۰/۳۲	۰/۲
e۵	۰/٤۵	۰/۳	۰/۱۳
e٦	-۰/۵۱	۰/۱۷	-۰/۱۵
e۷	-۰/٤٦	۰/۲۲	-۰/۰۷

۱- ζ_1، ζ_2 و ζ_3 بردارهای ویژه محیطی برای سه مؤلفه اول می‌باشند. ۲- توضیحات در جدول ۲ ذکر شده است.

پارامترهای اثر متقابل امی برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به‌ترتیب در جدول‌های ٤ و ۵ و مقادیر ریشه مشخصه و بردارهای مؤلفه‌های اصلی برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها به‌ترتیب در جدول‌های ٦ و۷ ارائه شده‌اند. از این پارامترها برای ارزیابی پایداری ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف، از طریق ترسیم بای‌پلات و محاسبه پارامترهای پایداری کمک گرفته شد.

برای ارتباط دادن ارزش‌های ژنوتیپی و محیطی و اختصاص ژنوتیپ‌های مختلف به محیط‌ها از گروه‌بندی به روش تجزیه خوشه‌ای و نمودار بای‌پلات استفاده شد (شکل ۱ و ۲). تجزیه خوشه‌ای مقادیر اولین مؤلفه اصلی برای ژنوتیپ‌ها، سه گروه ژنوتیپی را مشخص نمود. در گروه اول ژنوتیپ‌های ۲، ۷، ۹، ۱۰، ۱۳، ۱٦، ۱۷، ۱۹ و ۲۵ جای گرفتند که دارای PC_1 مثبت و بزرگ بودند و به غیر از ژنوتیپ ۹ همگی دارای عملکرد کمتر از میانگین بودند. گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های ۱، ۳، ۸، ۱۲، ۱٤، ۲۰، ۲۲ و ۲٤ بود که همگی دارای PC_1 نزدیک به صفر بودند و ۱، ۸، ۱۲و ۲۰ عملکرد بالاتر از متوسط داشتند. گروه سوم شامل ژنوتیپ‌های ٤، ۵، ٦، ۱۱، ۱۵، ۱۸، ۲۱ و۲۳ بود که عملکرد بالاتر از حد متوسط داشتند و دارای PC_1 منفی و بزرگ بودند.

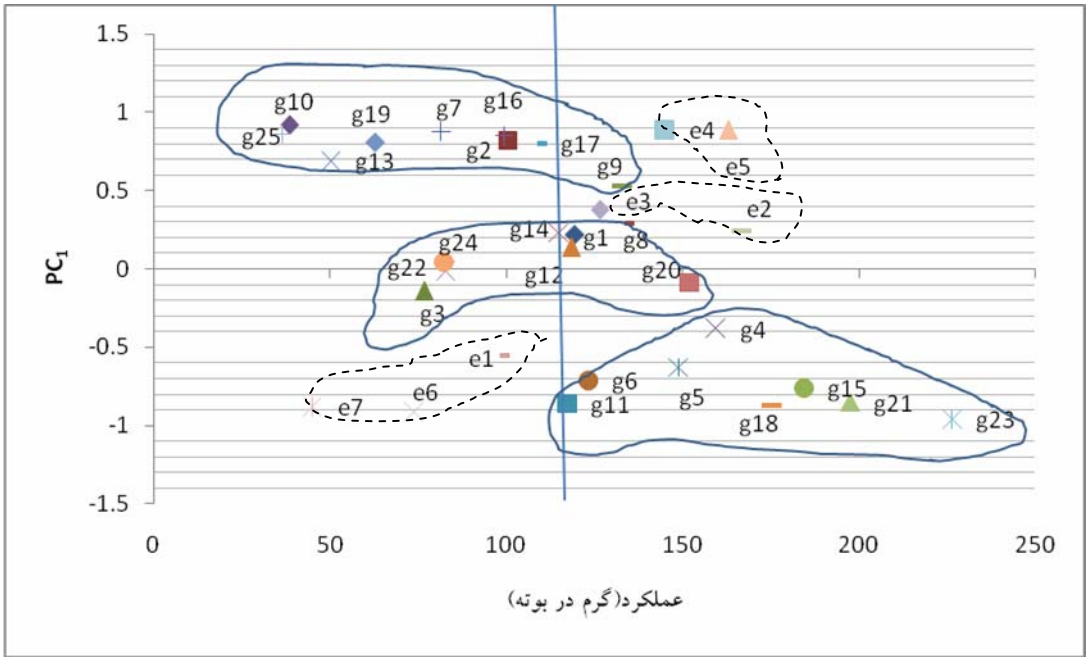
تجزیه خوشه‌ای بر روی مقادیر اولین مؤلفه اصلی محیط‌ها، سه گروه عمده را تشکیل داد (شکل۱). در گروه اول سال‌های ۸۷ و ۸۸ ارزیابی در دانشگاه صنعتی اصفهان (e٤ و e۵) قرار گرفتند، که دارای IPC_1 مثبت و بالا و عملکرد بالاتر از متوسط بودند. در گروه دوم سال‌های ۸۵ و ۸٦ ارزیابی در دانشگاه صنعتی اصفهان (e۲ و e۳) قرار گرفتند، که دارای IPC_1 مثبت و کوچک بودند و عملکرد بالاتر از متوسط داشتند. گروه آخر شامل سال ۸٤ ارزیابی در دانشگاه صنعتی اصفهان (e۱) و سال‌های ۸٦ و ۸۷ ارزیابی در مزرعه تحقیقاتی لورک (منطقه با کمبود آب) (e٦ و e۷) بود که عملکرد ژنوتیپ‌ها به شدت کاهش یافت.

جدول ٦- مقادیر ریشه مشخصه و مؤلفه‌های اصلی و سهم هر مؤلفه در مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ * محیط در مدل AMMI برای ژنوتیپ‌های مختلف فسکیوی بلند

رقم	IPC_7	IPC_6	IPC_5	IPC_4	IPC_3	IPC_2	IPC_1
g۱	-۰/۰٤	-۰/۰۲	۰/۱۵	-۰/٦	۰/۰۰۹	۰/۷۵	۰/۲۲
g۲	-۰/۰۲۳	۰/۰۲۳	-۰/۲۲	-۰/۰٤	۰/٤٦	۰/۲٤	۰/۸۲
g۳	۰/۰۳۷	-۰/۰٤۱	۰/۸۵	۰/۵۱	۰/۰٤۷	-۰/۰۰۹	-۰/۱٤
g٤	-۰/۰۱۱	۰/۰۳۱	-۰/۰۵	-۰/۰۲	-۰/۳	۰/۸۷	-۰/۳۸
g۵	۰/۰۰۳	۰/۱۹	۰/۰٦	۰/۱۹	۰/٦۱	-۰/٤٤	-۰/٦۳
g٦	-۰/۰۰۱	۰/۰۸۳	-۰/۱۱	-۰/۲٦	۰/٦۳	۰/۰۵	-۰/۷۱
g۷	۰/۰۱٤	۰/۰۳۲	-۰/۲٦	۰/۱۲	۰/۲۸	-۰/۲٦	۰/۸۸
g۸	۰/۰۹۹	۰/۰۸٤	-۰/۱۰۳	۰/٤	-۰/۸۳	-۰/۱۸	۰/۲۹
g۹	-۰/۰۱	۰/۰٤٤	-۰/۱٤	۰/٤٤	۰/٤۷	۰/۵۳	۰/۵۳
g۱۰	۰/۰۲۸	-۰/۰۰٤	۰/۱	-۰/۱۳	-۰/۰۵	-۰/۳٤	۰/۹۲
g۱۱	۰/۰۵۳	۰/۰٦۷	۰/۰۱	-۰/۱۳	-۰/۱٤	-۰/٤٦	-۰/۸٦
g۱۲	-۰/۳	۰/۰۲۸	۰/۰۱	۰/۱۱	۰/۹	۰/۳۷	۰/۱٤
g۱۳	۰/۰۳٤	۰	۰/٤٦	۰/۳۲	۰/٤	-۰/۱۹	۰/٦۹
g۱٤	۰/۱۵	۰/۲۲	-۰/٤۳	۰/۳۸	-۰/۰۱۳	-۰/۷۲	۰/۲۳
g۱۵	۰/۱۳	-۰/۲۷۸	-۰/۲۲	۰/٤۸	۰/۲۹	-۰/۰۵	-۰/۷٦
g۱٦	۰/۰۱٤	۰/۰٤۲	۰/۰۲	۰/۲۸	۰/۳٦	۰/۲۷	۰/۸۵
g۱۷	۰/۰۳۵	۰/۰۵	-۰/۳۳	-۰/۰٦	-۰/۵	۰/۰٦	۰/۸
g۱۸	۰/۰۲	۰/۰۰۸	۰/۰٦	۰/۱۱	-۰/٤۷	۰/۰۳۹	-۰/۸۷
g۱۹	-۰/۱۲	-۰/۲٦	-۰/۰۹	۰/۲۱	-۰/۲۹	-۰/۳۵	۰/۸۱
g۲۰	-۰/۰۱۹	۰/۰۰٦	۰/۱۱	۰/۲۱	-۰/۱۲	۰/۹۵	-۰/۰۸٦
g۲۱	-۰/۰۱	۰/۰۲۳	-۰/۰۳۲	-۰/٤۷	۰/۲	-۰/۱۸	-۰/۸۵
g۲۲	-۰/۱۰۷	۰/۱۳	-۰/۰۲۲	-۰/۲۲	-۰/۱۹	-۰/۹۵	-۰/۰۱۱
g۲۳	-۰/۰۱	-۰/۰۱۹	۰/۰۰۳	۰/۱۷	-۰/۰٤	-۰/۱۷	-۰/۹٦
g۲٤	۰/۰۸	۰/۰۵	۰/۰۲٦	-۰/۲۸	-۰/۷۹	-۰/۵۳	۰/۰٤٤
g۲۵	۰/۰٤٤	-۰/۰۱	۰/۳۱	-۰/۰۰٦	-۰/۱۱	-۰/۳۸	۰/۸٦
ریشه مشخصه	۵۵٦	۱۵۵٤	٦۲۹۰	۱۷٦۸٤	۲٤۸۲۸	۵۸۸۳۷	۱۳۵۱۵۲
واریانس‌تجمعی	۱	۰/۹۹۵	۰/۹۹	۰/۹۷	۰/۹	۰/۷۹	۰/۵۵

جدول ۷- مقادیر مؤلفه‌های اصلی و ریشه مشخصه و سهم هر مؤلفه در مجموع مربعات اثر متقابل ژنوتیپ * محیط در مدل AMMI برای محیط‌های مختلف

محیط	IPC6	IPC5	IPC4	IPC3	IPC2	IPC1
e۱	-۰/۰۰۸	۰/۰۱٤	۰/۵۲	۰/٦۰۳	-۰/۲۲	-۰/۵۵
e۲	۰/۰۰۲	-۰/۰۱	-۰/۲۳	۰/۰۰۳	۰/۹٤	۰/۲٤
e۳	۰/۰۰۵	-۰/۰۱	۰/٤۹	۰/۷۸	-۰/۰۷	۰/۳۸
e٤	۰/۱۳	۰/۰۳٦	-۰/۰۸۷	۰/۱٦	۰/۳۹	۰/۸۹
e۵	-۰/۱٤	-۰/۰۰۷	-۰/۱۱	۰/۱۱	۰/٤	۰/۸۹
e٦	-۰/۰۰٦	۰/۲٦	-۰/۱۷	-۰/۱۱	۰/۲۲	-۰/۹۱
e۷	۰/۰۱۳	-۰/۳	-۰/۱۷	-۰/۰٦	۰/۲۹	-۰/۸۸
ریشه مشخصه	۱۵۵٤	٦۲۹۰	۱۷٦۸٤	۲۲۸۲۸/٦	۵۸۸۳۷	۱۳۵۱۵۲
واریانس تجمعی	۱	۰/۹۹	۰/۹۷	۰/۹	۰/۷۹	۰/۵۵

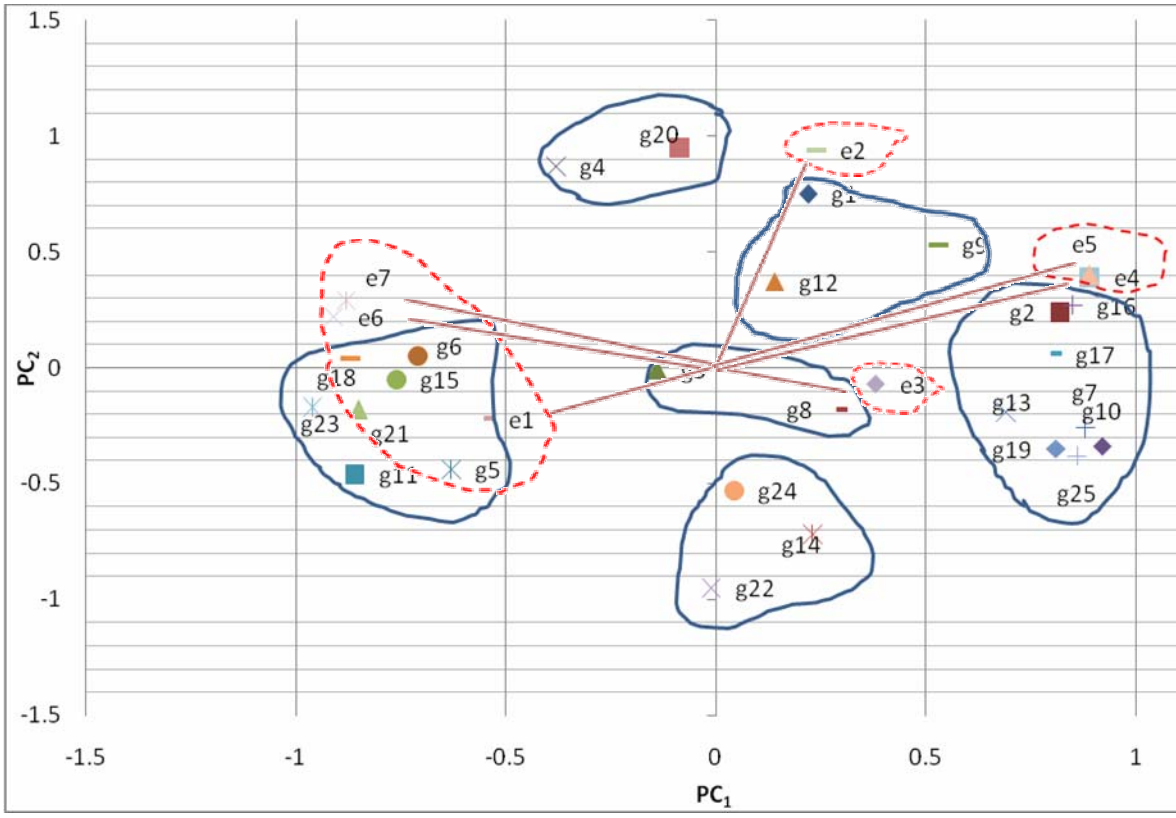


شکل ۱- بای‌پلات حاصل از میانگین و پارامتر پایداری IPC_1 ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها

خطوط پیوسته و خطچین به‌ترتیب گروهبندی‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را براساس IPC_1 و میانگین عملکرد نشان می‌دهند. خطوط عمودی و افقی ممتد به‌ترتیب از نقاط میانگین عملکرد و IPC_1 برابر با صفر می‌گذرند.

برای انجام تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر مبنای IPC_1 و میانگین، یعنی استفاده همزمان از پارامترهای حاصل از مؤلفه‌های اصلی برای ارقام و محیط‌ها و روش‌های دسته‌بندی و برداریابی، نمودار بای‌پلات برای میانگین و اولین مؤلفه اصلی ترسیم گردید (شکل ۱). در بای‌پلات شکل ۱ خط عمودی میانه این نمودار از میانگین کل آزمایش می‌گذرد. ژنوتیپ‌ها و محیط‌های طرف راست این خط دارای عملکرد بالاتر از میانگین کل می‌باشند. ژنوتیپ‌ها و محیط‌های واقع در روی خط عمودی از نظر آثار اصلی جمع‌پذیر (میانگین عملکرد) واکنش مشابهی دارند. محور افقی در میانه نمودار نشان‌دهنده $IPC_1 = 0$ است که ناحیه فقدان اثر متقابل را نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌ها و محیط‌های موجود بر روی خط عمودی دارای واکنش مشابهی از نظر اثر متقابل هستند. ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که اثر متقابل بالایی را نشان می‌دهند، دارای مقادیر بزرگ (مثبت یا منفی) برای اولین مؤلفه می‌باشند، در حالی که ژنوتیپ‌ها و محیط‌های واجد مقادیر نزدیک به صفر برای اولین مؤلفه اصلی، دارای اثر متقابل پایین هستند. ژنوتیپ‌ها و محیط‌هایی که علامت مشابهی برای مقادیر IPC_1 دارند، آثار متقابل مثبت را ایجاد می‌کنند، در حالی که ترکیب مقادیر IPC_1 با علامت‌های مختلف، واکنش اثر متقابل منفی را به وجود می‌آورد.

نتایج تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر مبنای IPC_1 و میانگین (شکل ۱) نشان داد که ژنوتیپ‌های ۱، ۸، ۱۲ و ۲۰ دارای کمترین اثر متقابل ژنوتیپ و محیط بودند و از بین آنها، ژنوتیپ‌های ۸ و۲۰ با IPC_1 نزدیک به صفر و عملکرد بالاتر از میانگین کل به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌های پرمحصول شناسایی شدند. ژنوتیپ‌های ۱، ۱۲ و ١٤ با IPC_1 کوچکتر و عملکرد نزدیک متوسط در مرتبه دوم ژنوتیپ‌های پایدار و پرمحصول جای گرفتند. بر این مبنا ژنوتیپ‌های ۲، ۷، ۹، ۱۰، ۱۳، ١٦، ۱۷، ۱۹ و ۲۵ دارای اثر متقابل بزرگ و مثبت و ژنوتیپ‌های ٤، ٥، ٦، ۱۱، ۱٥، ۱۸، ۲۱ و ۲۳ دارای اثر متقابل منفی و بزرگ بودند. بر این اساس مشاهده شد که محیط‌های مورد ارزیابی تقریباًهمگی سهم بالایی در ایجاد اثر متقابل داشته‌اند. سال ۸۷ ارزیابی در لورک (e٦) بزرگترین اثر متقابل منفی و سال‌های ۸۸ و ۸۷ ارزیابی در دانشگاه صنعتی اصفهان (e٤ و e٥) بزرگترین اثر متقابل مثبت را دارا بودند.



شکل ۲- بای‌پلات حاصل از پارامترهای پایداری IPC_1 و IPC2 ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها

بوسته و خطچین به‌ترتیب گروه‌بندی‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را براساس IPC_1 و IPC_2 نشان می‌دهند.

شکل ۲ بای‌پلات مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم اثر متقابل را برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها نشان می‌دهد. ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها براساس مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم نقطه‌یابی شده‌اند. این بای‌پلات جمعاً ۷۹ درصد اطلاعات مربوط به اثر متقابل ژنوتیپ و محیط را توجیه کرد. ژنوتیپ‌ها و محیط‌های واجد مقادیر نزدیک به صفر برای اولین و دومین مؤلفه اصلی (ژنوتیپ‌ها و محیط‌های نزدیک به محور مختصات) دارای اثر متقابل پایین هستند. به منظور دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها براساس اطلاعات مؤلفه‌های اصلی اول و دوم اثر متقابل، تجزیه خوشه‌ای بر روی مقادیر این مؤلفه‌ها برای ژنوتیپ‌ها و نیز محیط‌ها به طور همزمان انجام شد. گروه اول که در آن ژنوتیپ‌ها با IPC_1 کوچک و منفی و IPC_2 مثبت و بزرگ قرار گرفته‌اند، شامل ژنوتیپ‌های ٤ و ۲۰ بود. در گروه دوم ژنوتیپ‌های ۱، ۹ و ۱۲ قرار گرفتند که دارای IPC_1 و IPC_2 مثبت بودند. گروه سوم شامل ژنوتیپ‌های ۲، ۷، ۱۰، ۱۳، ۱٦، ۱۷، ۱۹ و ۲۵ بود که همگی IPC_1 مثبت و بزرگی داشتند و در بین آنها ژنوتیپ‌های ۲، ۱٦و ۱۷ IPC_2 مثبت و کوچک داشتند و بقیه دارای IPC_2 منفی بودند و در نتیجه دارای واکنش ناپایدار بودند. ژنوتیپ‌های ۱٤، ۲۲ و ۲٤ گروه چهارم را تشکیل دادند که دارای IPC_2 منفی و بزرگ و IPC1 کوچک و مثبت بودند. گروه پنجم شامل ژنوتیپ‌های ۵، ٦، ۱۱، ۱۵، ۱۸، ۲۱ و ۲۳ بود که همگی IPC_1 منفی بزرگی داشتند و به غیر از ٦ ،۱۵ و ۱۸ که IPC_2 نزدیک به صفر داشتند، مابقی IPC_2 منفی داشتند، بنابراین ناپایدار تلقی گردیدند. براساس این بای‌پلات (شکل ۲) مشاهده شد که ژنوتیپ‌های ۳، ۸ و ۱۲ واجد مقادیر نزدیک به صفر برای اولین و دومین مؤلفه اصلی می‌باشند که ژنوتیپ‌های ۸ و ۱۲ به علت داشتن عملکرد بالاتر از میانگین به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار شناخته می‌شوند.

تجزیه خوشه‌ای بر مبنای مقادیر اولین و دومین مؤلفه اصلی محیط‌ها را به پنج گروه تفکیک کرد (شکل ۲) که تقریباً مشابه با گروه‌بندی محیطی براساس مقادیر اولین مؤلفه اصلی و عملکرد (شکل ۱) بود. براساس نتایج بدست‌آمده می‌توان ژنوتیپ‌های ۲ و ۱٦ و ۱۷ را واجد سازگاری خصوصی به محیط‌های با آبیاری مطلوب (سال‌های ۸۸ و ۸۷ ارزیابی در اصفهان) دانست و ژنوتیپ ۱۸ را واجد سازگاری خصوصی به شرایط کمبود آب آبیاری (سال‌های ۸٦ و ۸۷ ارزیابی در لورک) دانست.

در نمودار تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی براساس مقادیر IPC_1 و IPC_2 (شکل ۲) خطوط پیوسته و خط‌چین به‌ترتیب گروه‌بندی‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر روی ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها را نشان می‌دهند. با استفاده از این نمودار امکان بررسی ارتباط بین ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها فراهم گردید. زاویه بین بردارهای محیطی در تفسیر مشابهت‌های محیطی ارزشمند است. زاویه حاده بین دو بردار محیطی مشخص کننده همبستگی بالای دو محیط است. زاویه قائمه دو بردار محیطی عدم وجود همبستگی و زاویه بزرگتر از ۹۰ درجه همبستگی منفی دو محیط از لحاظ ایجاد اثر متقابل را نشان می‌دهد. براساس این واکنش مشاهده گردید که ژنوتیپ‌های ۳ و ۸ دارای پایداری عمومی بودند. همچنین ژنوتیپ‌های ۲، ۷، ۹، ۱۰، ۱۳، ۱٤، ۱٦، ۱۷، ۱۹ و ۲۵ دارای اثر متقابل مثبت بودند.

این نمودار گویای اعمال اثر متقابل بالا توسط محیط‌های مورد آزمایش بود، به‌طوری که سال‌های ۸۷ و ۸۸ ارزیابی در اصفهان اثر متقابل مثبت را اعمال و سال ۸٤ ارزیابی در اصفهان اثر متقابل منفی را اعمال کرد. سال‌های ۸٦ و ۸۷ ارزیابی در لورک (محیط‌های e٦ وe۷) همبستگی بالایی با همدیگر دارند. همچنین با سال ۸٤ ارزیابی در اصفهان (e۱) نیز همبستگی مثبتی دارند. اما محیط‌های مذکور، همبستگی منفی با سال‌های ۸۵، ۸٦، ۸۷ و ۸۸ ارزیابی در اصفهان (e۲ وe۳، e٤ و e۵) دارند. به طوری که مشهود است کمبود آب آبیاری به‌شدت بر عملکرد ارقام تأثیرگذار بوده و یک عامل مهم در تفسیر اثر متقابل است.

آماره‌های $SIPC_3$ و EV_3 براساس مدل $AMMI_3$ در جدول ۸ ارائه شده‌اند. ژنوتیپ‌های ۲، ۳، ٦، ۸، ۱۲، ۱۳، ۱٤، ۱۵، ۱٦ و ۲٤ کمترین مقدار آماره $SIPC_3$ را به خود اختصاص دادند، که در بین آنها ژنوتیپ‌های ٦، ۸، ۱۲و ۱۵ میانگین عملکرد بالایی را داشتند و مابقی میانگین عملکرد پایینی داشتند؛ بنابراین ژنوتیپ‌های ۲، ۳، ۱۳، ۱٤، ۱٦ و ۲٤ پایداری ضعیفی داشتند و ژنوتیپ‌های ٦، ۸، ۱۲ و ۱۵ به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها معرفی می‌شوند. ژنوتیپ‌های ۱، ٤، ۵، ۷، ۹، ۱۰، ۱۷، ۱۸، ۱۹، ۲۰، ۲۲ و ۲۵ مقدار آماره $SIPC_3$ در آنها در حد متوسط بود و میانگین عملکرد برای ژنوتیپ‌های ۱، ٤، ۵، ۹، ۱۸و ۲۰ در حد متوسط بود. بنابراین این ژنوتیپ‌ها دارای پایداری متوسطی هستند و ژنوتیپ‌های ۱۰، ۱۹ و ۲۵ که میانگین عملکرد پایینی داشتند، به‌عنوان ژنوتیپ‌های ناپایدار شناخته شدند. ژنوتیپ‌های ۱۱، ۲۱و ۲۳ بالاترین مقدار آماره $SIPC_3$ را به خود اختصاص دادند و ناپایدارترین ژنوتیپ‌ها در نظر گرفته شدند. تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی براساس آماره EV_3، با ارائه گروه‌بندی تقریبا مشابهی با آماره $SIPC_3$ به نوعی بیانگر همبستگی بالای این دو عامل است. براساس این آماره نیز ژنوتیپ‌های ٦، ۸ و ۱۵ پایدارترین ژنوتیپ‌ها بودند.

بحث

در این پژوهش ژنوتیپ‌های فسکیوی بلند در ۷ محیط مختلف (ترکیب سال و منطقه) براساس روش AMMI مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج حاکی از آن است که این روش از کارایی بالایی برای شناسایی ژنوتیپ‌های دارای پایداری عمومی و خصوصی بالا برخوردار است. نتایج تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی بر مبنای IPC_1 و میانگین (شکل ۱) نشان داد که تنوع بالایی بین ژنوتیپ‌ها از نظر میزان پایداری وجود دارد، بطوری که ژنوتیپ‌های ۸ و۲۰ با IPC_1 نزدیک به صفر و عملکرد بالاتر از میانگین کل به‌عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌های پرمحصول شناسایی شدند. بر این اساس مشاهده شد که محیط‌های مورد ارزیابی تقریبا همگی سهم بالایی در ایجاد اثر متقابل داشته‌اند. سال ۸۷ ارزیابی در لورک (e٦) بزرگترین اثر متقابل منفی و سال‌های ۸۸ و ۸۷ ارزیابی در دانشگاه صنعتی اصفهان (e٤ و e۵) بزرگترین اثر متقابل مثبت را دارا بودند.

جدول ۸- آماره‌های EV_3 و $SIPC_3$ در مدل $AMMI_3$ برای ژنوتیپ‌های مختلف فسکیوی بلند

ژنوتیپ	$SIPC_3$	EV_3
g۱	۱۱٦/٦۱	۰/۰٤۷۲
g۲	۹٤/۳۷	۰/۰۱۸۵
g۳	۵/٤۹	۰/۰۰۰۱
g٤	۲۰۱/۱۹	۰/۱۰۰۱
g۵	۱٤۹/۰۸	۰/۰۵٦۹
g٦	۵٤/٤٦	۰/۰۱۰٤
g۷	۱۲٦/۱۷	۰/۰۲٦٤
g۸	۵۹/۸۹	۰/۰۲۰۱
g۹	۱٤۵/٤۰	۰/۰٤۹٤
g۱۰	۱۸۹/۳۹	۰/۰۷۷۲
g۱۱	۲۹۵/۵٦	۰/۲۷۵٦
g۱۲	۹۵/٦۰	۰/۰۵٤۲
g۱۳	٦۰/٤۷	۰/۰۰۷۸
g۱٤	۲٦/۳۵	۰/۰۰۲
g۱۵	۸٤/۷۵	۰/۰۱۵۱
g۱٦	٦۹/۸۹	۰/۰۰۸۹
g۱۷	۱٤٤/٦٤	۰/۰۵٦٤
g۱۸	۱٦۲/۹۰	۰/۰٦۷۱
g۱۹	۱٤۹/۹۰	۰/۰۳٦۷
g۲۰	۱٤۰/۰۸	۰/۰۷۷۲
g۲۱	۳٦۵/۹۸	۰/۳۳۹۳
g۲۲	۱۲۳/٤۸	۰/۰٦٤٤
g۲۳	۲۷۲/۵۲	۰/۱۳۳۸
g۲٤	٦۲/۳۲	۰/۰۲۰۹
g۲۵	۱۷۲/۹۹	۰/۰٤٦۰

همچنین نتایج تجزیه خوشه‌ای بر روی مقادیر اولین مؤلفه اصلی، محیط‌ها را در سه گروه قرار داد که براساس اقلیم و شرایط رطوبتی منطقه به خوبی از یکدیگر تفکیک شدند. به‌عنوان مثال، سال‌های ۸٦ و ۸۷ که ارزیابی در منطقه با کمبود آب آبیاری انجام شد، از دو گروه دیگر جدا گردید. در این محیط‌ها عملکرد ژنوتیپ‌ها به شدت کاهش یافت که

نشان می‌دهد عملکرد ژنوتیپ‌های فسکیوی بلند به شدت تحت تنش رطوبتی قرار گرفته است. اگرچه فسکیوی بلند ازجمله گراس‌های علوفه‌ای متحمل به تنش خشکی می‌باشد و بقاء آن تحت تنش خشکی حفظ می‌شود ولی رشد ظاهری و تولید علوفه آن به شدت تحت تأثیر تنش قرار می‌گیرد. همچنین Dane و همکاران (۲۰۰۶) دو رقم هیبرید Blugrass و دو رقم فسکیوی بلند را از نظر واکنش به تنش آبیاری مقایسه کردند و به این نتیجه رسیدند که ارقام فسکیوی بلند بیشتر تحت تأثیر تنش آبیاری قرار می‌گیرند و عملکرد آنها کاهش می‌یابد. همچنین Huang و Hongwen (۲۰۰۰) در ارقام فسکیوی بلند به بررسی خصوصیات فیزیولوژی ریشه مرتبط با تنش خشکی پرداختند و متذکر شدند که تنش خشکی در ارقام فسکیو منجر به افزایش مرگ و میر ریشه و کاهش عملکرد می‌شود.

در این مطالعه بای‌پلات مقادیر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم اثر متقابل برای ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها ترسیم گردید. نتایج همچنین نشان داد که این روش از کارایی بالایی برای تمایز ژنوتیپ‌ها و محیط‌ها از یکدیگر برخوردار است. به‌عنوان مثال ژنوتیپ‌های۳، ۸ و ۱۲ واجد مقادیر نزدیک به صفر برای اولین و دومین مؤلفه اصلی می‌باشند که ژنوتیپ‌های ۸ و ۱۲ به علت داشتن عملکرد بالاتر از میانگین به‌عنوان ژنوتیپ‌های پایدار شناخته می‌شوند. براساس نتایج بدست‌آمده می‌توان ژنوتیپ‌های ۲، ۱۶ و ۱۷ را واجد سازگاری خصوصی به محیط‌های با آبیاری مطلوب (سال‌های ۸۸ و ۸۷ ارزیابی در اصفهان) دانست و ژنوتیپ ۱۸ را واجد سازگاری خصوصی به شرایط کمبود آب آبیاری (سال‌های ۸۶ و ۸۷ ارزیابی در لورک) دانست. سال‌های ۸۶ و ۸۷ ارزیابی در لورک (محیط‌های e۶ وe۷) همبستگی بالایی با همدیگر دارند. همچنین با سال ۸۴ ارزیابی در اصفهان (e۱) نیز همبستگی مثبتی دارند. اما محیط‌های مذکور، همبستگی منفی با سال‌های ۸۵، ۸۶، ۸۷ و ۸۸ ارزیابی در اصفهان (e۲ وe۳، e۴ و e۵) دارند. به طوری که مشهود است کمبود آب آبیاری به شدت بر عملکرد ارقام تأثیرگذار بوده و یک عامل مهم در تفسیر اثر متقابل است.

در این خصوص Tarakanovas و Ruzgas (۲۰۰۶) نیز روش امی را به‌عنوان یک روش مؤثر برای مطالعه اثر متقابل ژنوتیپ و محیط معرفی کردند و بیان کردند که نتایج بای‌پلات می‌تواند ارقام مناسب را برای کشت در محیط‌های مختلف و یا ارقام خاص را برای شرایط مناسب محیطی و یا برای کشت در محیط فقیر مشخص سازد. همینطور Abamuf و Allurik (۱۹۹۸) نیز در تجزیه امی ارقام برنج و Zobel و همکاران (۱۹۹۸) در ارزیابی اثر متقابل ارقام سویا مدل امی را مناسبترین مدل برای بررسی اثر متقابل دانستند. محقق دیگری به نام Annicchiarico (۱۹۷۷) روش‌های مختلف تجزیه پایداری را مورد مقایسه قرار داد و روش امی را برتر از روش‌های رگرسیونی معرفی کرد. بر طبق نظر Guach و Zobel (۱۹۹۷)، Yan و Hunt (۲۰۰۱) و Akcura و همکاران (۲۰۰۵) داشتن دو مؤلفه اول معنی‌دار در مدل امی بهترین حالت است. در مطالعه Chapman و همکاران (1997) بای‌پلات بر روی دو مؤلفه اول ژنوتیپ و محیط ترسیم و چهار گروه مشتق از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها براساس میانگین به خوبی متمایز شدند.

در مجموع از آنجایی که به دلیل وجود شرایط محیطی

متغیر و غیرقابل پیش‌بینی در بیشتر مناطق ، ارزیابی ژنوتیپ‌ها تحت محیط‌های متغیر(سال و مکان) و انتخاب همزمان برای عملکرد و پایداری ضروریست، روش AMMI می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی فسکیوی بلند و احتمالا گراس‌های مشابه استفاده شود. نتایج مقایسه بای‌پلات‌های ترسیم شده برای مدل امی نشان داد که در همه نمودارهای تجزیه الگوی واکنش ژنوتیپی ترسیم شده بر مبنای مؤلفه‌های اصلی، ژنوتیپ ۸ پایداری عمومی داشته و با داشتن عملکرد بیش از میانگین، واجد سازگاری عمومی مطلوب می‌باشد. علاوه بر روش امی برای تفسیر اثر متقابل ژنوتیپ و محیط، روش‌های دیگری چون رگرسیون حداقل توان دوم (Abamuf & Allurik. 1998) و رگرسیون فاکتوریل (Denis, 1988) نیز وجود دارند که در برخی مطالعات نتایج مشابهی را در تفسیر اثر متقابل ارائه دادند (Vargas *et. al.*, 1999).

منابع مورد استفاده

- Abamuf, J. and Allurik, A. 1998. AMMI analysis of rainfed lowland rice (*Oriza sativa*) traits in Nigeria. Plant Breeding, 117: 395- 397.
- Akcura, M., Kaya, Y. and Taner, S., 2005. Genotype-environment interaction and phenotypic stability analysis for grain yield of durum wheat in the central Anatolian region. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 29: 369- 375.
- Annicchiarico, P., 1997. Joint regression *Vs.* AMMI analysis of genotype – environment interaction for cereals in Ital. Euphytica, 94: 53-62.
- Basfor, K.E. and Cooper, M., 1998. Genotype × environmental interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. Australian Journal of Agriculture Research, 49: 153-174.
- Chapman, S.C., Crossa, J. and Edmeodes, G.O., 1997. Genotype by environment effects and selection for drought tolerance in tropical maize. I. Two mode pattern analysis of yield. Euphytica, 95: 1-9.
- Crossa, J., Gauch, H.G. and Zobel, R.W., 1990. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. Crop Science, 30: 493-500.
- Dane, J.H., Walker, R.H., Bahaminyakamwe, L. and Belcher, J.L., 2006. Tall fescue and hybrid bluegrass response to soil water matric head limits. Agriculture and Water Management, 86: 17 7 – 186.
- Denis, J.B., 1988. Two way analysis using covariates. *Statistics*, 19: 123-132.
- Ebdon, J.S. and Gauch, H.G., 2002. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials. II. Cultivar recommendations. Crop Science, 42: 497-506.
- Eberhart, S.A. and Russel, W.A., 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Science, 6: 36-40.
- Fehr, W.R., 1987. Principles of Cultivar Development. Macmillan Publishing Company, New York.
- Finlay, K.W. and Wilkinson, G.N., 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding program. Australian Journal of Agriculture Research, 14: 742-754.
- Gauch, H.G., 1992. Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier, Pub. Amesterdam, Netherlands.
- Guach, H.G. and Zobel, R.W., 1997. Identifying mega – environments and targeting genotypes. Crop Science. 37: 311-326.
- Gibson, D.J. and Newman, J.A., 2001. *Festuca arundinacea* Schreber (*F. Elatior* L. ssp. arundinacea (Schreber) Hackel). Journal of Ecology., 89: 304-324.
- Huang, B. and Hongwen, G., 2000. Root physiological characteristics associated with Drought resistance in tall fescue cultivars. Crop

of grain yield of wheat varieties in Lithuania. Agriulture Research, 4: 91- 98.
– Van Eeuwijk F.A. and Elgersmat A., 1993. Incorporating environmental information in an analysis of genotype by environment interaction for seed yield in perennial ryegrass. Heredity, 70: 447-457.
– Vargas, W., Crossa, J. Van Eeuwijk, F.A,. Rami, M.E. and Sayre, K., 1999. Using partial least squares regression, factorial regression and AMMI models for interpreting genotype and times environment interaction. Crop Science, 39: 955-967.
– Ya, W. and Hunt, L.A., 2001. Interpretation of genotype by environment interaction for winter wheat yield in Ontario. Crop Science, 41: 19- 25.
– Yiats F. and Cochran, W.G., 1956. The analysis of experiment. Journal of Agriculture Science, 14: 742-754.
– Zobel, R.W., Wright, M.J. and Gauch, H.G., 1988. Statistical analysis of a yield trial. Agronomy Journal, 80: 388-393.

Science, 40:196–203.
– Majidi, M.M., Mirlohi, A.F. and Mohamadi, R., 2009. Evaluate variation, traits association and determine genetice distance in tall fescue populations (*Festuca arundinacea* Schreb). Journal of Agriculture Science. 40:89-98
– Majidi, M.M. and Mirlohi, A. F., 2009. Genetic variation, heritability and correlations of agro-morpholical traits in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). Euphytica, 167: 323-331.
– Mirzaie-Nodoushan, H.,Ghamari-Zare, A., Bakhshi-Khaniki, Gh. and Mirjani, L. 2002. Genetic variation of nine population of festuca using seed protein electrophoresis. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 14: 2-5.
– Saha, M.C., Mian, R., Zwonitzer,J.C., Chekhovskiy K. and Hopkins, A.A., 2005. An SSR and AFLP based genetic linkage map of tall fescue *(Festuca arundinacea* Schreb.*)*. Theoritical and Applied Science, 110: 323-336.
– Tarakanovas, P., Sprainaitis, A., 2005. Main additive effect and multiplicative interaction analysis of white clover genetic resources. Biologica, 4: 38–42.
– Tarakanovas, P. and Ruzgas, V., 2006. Additive main effect and multiplicative interaction analysis

Pattern analysis of genotype by environment interaction for forage yield in tall fescue using AMMI method

M.M. Majidi[1]*, P. Askariniya[2], F. Amini[2], M. Ebrahimiyan[2] and A. Mirlohi[3],

1*- Corresponding author, Assis. Prof., Plant breeding, Isfahan University of Technology, Isfahan, I.R.Iran.
E-mail: majidi@cc.iut.ac.ir
2- M.Sc., Isfahan University of Technology, Isfahan, I.R.Iran.
3- Prof., Isfahan University of Technology, Isfahan, I.R.Iran.

Received: 26.05.2010 Accepted: 05.03.2011

Abstract

The research was conducted to investigate genotype × environment interaction for forage yield of 25 tall fescue genotypes at seven environments (combinations of years and locations). Analysis of additive main effects (analysis of variance) and multiplicative interaction effects (principal components analysis) revealed that the effects of genotype, environment, and genotype × environment interaction were highly significant. The first three principal components explained 89% of the total variation. Biplot of the first principal component and mean forage yields for genotypes and environments revealed genotype numbers 8 and 20 as the most stable and high yielding genotypes. The genotype numbers 1, 12, and 14 were detected in the second rank of stability and high yielding. Pattern analysis of the two first significant principal components for genotypes and environments and also cluster analysis based on stability statistics of $AMMI_3$ model ($SIPC_3$ and EV_3) showed that genotype number 8 had general stability. Yield of the genotype was higher than average of all of the studied genotypes indicating general adaptability. Genotype numbers 1, 9, and 12 had medium to low stability. Genotype numbers 10, 13, 19, and 25 were recognized as unstable ones. Genotypes of 2, 16 and 17 can be nominated as genotypes with narrow adaption to environments with sufficient irrigation (years of 87 and 88, Isfahan site) and genotype number 18 as genotype with narrow adaption to defficient irrigation condition (years of 86 and 87, Lavark site). All the environments contributed to the interaction effects and defficient irrigation has intensely affected the genotype yields.

Key words: Genotype by environment intraction, AMMI, Tall fescue, Forage yield.