

基于 AMMI 模型分析大菱鲂选育家系基因型与环境互作效应

马爱军*, 王新安

(中国水产科学研究院黄海水产研究所, 农业部海洋渔业可持续发展重点实验室,
青岛市海水鱼类种子工程与生物技术重点实验室, 山东 青岛 266071)

摘要: 为选育具有普适性的优良家系和适于某一特定环境的优良大菱鲂家系, 实验以大菱鲂选育 F_2 的 10 个优良家系为材料, 利用随机区组设计, 将其推广到 5 个不同的实验点进行养殖实验, 采用主效可加互作可乘模型 (AMMI) 分析方法, 分析大菱鲂选育家系基因型与环境互作效应。结果显示, 家系和环境互作效应 ($G \times E$) 的平方和占总平方和的 10.82%, 达到极显著水平 ($P < 0.01$), 其对产量差异的影响大于家系基因型间对产量差异的影响, 为家系效应的 1.44 倍; 综合双标图 AMMI 模型分析和稳定性参数分析, 家系 G_5 和 G_8 的产量较高, 分别为 844.796 和 868.888 g, 稳定性参数也最小, 分别为 1.154 975 和 2.668 016, 属于高产、稳产、广适应性较好的家系, 其基因型适于新品系(或新品种)选育; 通过双标图分析, 5 个实验点可被分为 3 组, E_3 为一组, E_5 为一组, E_1 、 E_2 和 E_4 为一组。家系 G_6 的产量为 851.768 g, 在环境 E_3 条件下最高产, 适于在 E_3 条件下推广; 家系 G_{10} 的产量为 911.664 g, 在环境 E_5 条件下最高产, 适于在 E_5 条件下推广; 而 G_2 的产量为 784.764 g, 在环境 E_1 、 E_2 和 E_4 条件下最高产, 适于在环境 E_1 、 E_2 和 E_4 条件下推广。

关键词: 大菱鲂; AMMI 模型; 基因型; 环境; 互作效应

中图分类号: Q 346; S 917.4

文献标志码: A

在动植物育种计划中, 许多基因型是在不同的环境条件下进行的遗传评定。研究表明, 对于数量性状, 基因型的表达随环境的变化而变化, 即存在着基因型与环境的互作效应 ($G \times E$)^[1-5]。 $G \times E$ 效应的存在, 使得不同环境条件下基因型间的相对次序或差异程度发生变化, 从而导致在育种过程中很难正确选择基因型^[6]。Comstock 等^[7]研究表明, 较大的基因型与环境互作效应会降低选择效果。基因型与环境的互作效应分析对于品种的鉴定和推广, 作物育种区域的划分, 育种目标的制定等有重要意义。有关水产动物基因型与环境互作效应分析的研究已有报道^[8-11]。

基因型与环境互作是一种复杂的生物学现象, 研究其遗传规律的方法有多种, 常用的方法有线性回归分析法^[8]、稳定性方差法^[7]、主效可加互作可乘模型分析 (AMMI)^[12-14]、生态评价法和平均等

级法^[15]。其中, AMMI 模型分析是在基因型和环境

的加性模型中加入了交互作用, 通过从加性模型的残差中分离出模型误差与干扰, 把方差分析和主成分分析结合在一起, 充分利用实验所获得的信息, 最大程度地反应互作变异^[15-16]。相比于其它方法, AMMI 模型分析法具有更高的估计准确性, 目前, 这种方法被认为是研究基因型和环境互作效应的较为理想的方法, 近年来在动植物育种中得到普遍应用^[12-16], 但在水产动物育种领域尚未见有利用 AMMI 模型开展基因型与环境互作效应的研究。

大菱鲂 (*Scophthalmus maximus*) 是中国鲆鲽鱼类产业的主要品种, 在基于电子标记的大规模家系选育技术对其进行遗传改良的过程中^[17-18], 考虑到大菱鲂的世代间隔较长, 选育进展相对缓慢, 制定了品种选育和优良家系推广相结合的育种规

划。因此,在家系选育过程中,开展核心育种家系基因型与养殖区域(环境)之间互作效应分析研究,选育出具有普适性的能在各地普遍适合的优良基因型和适应于特定区域的特定基因型,对大菱鲆新品种选育和优良家系的建立具有重要理论和实际意义。本实验采用 AMMI 模型分析方法对大菱鲆核心育种家系的基因型和环境之间的互作效应进行了分析。

1 材料与amp;方法

1.1 实验材料

实验材料来自大菱鲆家系选育 F₂ 的 10 个选育家系,即 2#-家系(G₁)、13#-家系(G₂)、4#-家系(G₃)、15#-家系(G₄)、6#-家系(G₅)、8#-家系(G₆)、26#-家系(G₇)、18#-家系(G₈)、36#-家系(G₉)和 19#-家系(G₁₀)。实验地点选择辽宁葫芦岛(E₁),江苏连云港(E₂),福建东山(E₃),山东荣成(E₄)和山东烟台芝罘区(E₅)5 个实验点。实验采用随机区组设计,3 次重复。各实验点养殖密度,养殖池大小相同。上述家系均在 3 月龄时进行苗种推广实验,在同一家系内选择实验用苗种时,选取大小规格相同的苗种,养殖 15 个月龄,即达到 18 月龄时进行数据采集,每个家系随机抽取 50~60 尾鱼用电子天平测量质量(g),并计算每个家系的质量均值。

1.2 分析方法

AMMI 模型 AMMI 模型^[19]的主要特点是将方差分析和主成分分析有机地结合在一起。其模型表达式:

$$y_{ge} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{i=1}^N \lambda_n r_{gn} \delta_{gn} + \theta_{ge}$$

式中, y_{ge} 是在环境 e 中基因型 g 的体质量, μ 表

示总体均值, α_g 为基因型平均偏差(各个基因型平均值减去总的平均值), β_e 是环境的平均偏差(各个环境的平均值减去总的平均值), λ_n 是第 n 个主成分分析的特征值, r_{gn} 是第 n 个主成分的环境主成分得分, δ_{gn} 是第 n 个主成分的基因型主成分得分, n 是在模型主成分分析中主成分因子的总个数, θ_{ge} 为残差。

稳定性参数 特定基因型(或环境)在 IPCA 的 k 维空间中图标离原点的欧氏距离公式^[20]:

$$D_{g(e)} = \sqrt{\sum_{k=1}^m IPCA_{g(e)k}^2}, k=1,2, \dots, m$$

式中, m 是显著的 IPCA 个数, $D_{g(e)}$ 是第 g 个基因型或第 e 个环境在 m 个 IPCA 上的得分。 $D_{g(e)}$ 的大小度量第 g 个基因型或第 e 个环境的相对稳定性,基因型 D_g 值越小越稳定,环境的 D_e 值越大对基因型的分辨力越强,即 D_e 值越大,基因型在环境中表现出的遗传差异越大,越有利于发挥基因型的特性。

2 结果

2.1 产量方差分析和 AMMI 模型分析

在辽宁葫芦岛(E₁),江苏连云港(E₂),福建东山(E₃),山东荣成(E₄)和山东烟台芝罘区(E₅)5 个实验点所采集的样本数量和规格见表 1。不同实验点的体质量均值存在显著差异($P<0.05$),其中,辽宁葫芦岛(E₁)的平均体质量最低,为(613.844±84.866) g,山东烟台芝罘区(E₅)的平均体质量最高,达到(1 102.370±128.366) g。

从表 2 产量方差分析可以看出,家系、实验地点和家系与实验地点的交互作用均达到极显著水平($P<0.01$),这表明参试家系的产量水平存在

表 1 5 个不同测试点采集的样本数量和规格
Tab.1 The number and size of samples from five different sites

测试点 site	样本数 sample	平均体长/cm average standard length	平均体质量/g average body weight
辽宁葫芦岛(E ₁) Huludao, Liaoning	1 550	22.360±1.909	613.844±84.866 ^a
江苏连云港(E ₂) Lianyungang, Jiangsu	1 530	23.770±2.242	732.484±106.099 ^b
福建东山(E ₃) Dongshan, Fujian	1 560	25.250±2.310	835.696±137.296 ^c
山东荣成(E ₄) Rongcheng, Shandong	1 530	26.480±2.848	931.668±146.215 ^d
山东烟台芝罘区(E ₅) Zhifu district, Yantai, Shandong	1 530	27.849±2.955	1102.370±178.366 ^e

注: 实验数值上标表示多重比较结果,字母相同表示差异不显著($P>0.05$); 字母不同表示差异显著($P<0.05$)。

Notes: The same superscripts of letters in the same column mean significantly different ($P>0.05$); different superscripts of letters mean significantly different ($P<0.05$).

明显差异, 且环境对产量的影响较大。此外, 从表 2 还可以看出, 环境间变异的平方和占总平方和的 76.48%, 家系和环境间互作效应的平方和占总平方和的 10.82%, 而家系基因型的平方和仅占总平方和的 7.50%。可见, 在总变异中环境间的变异是引起产量差异的主要原因, 其次是家系和环境互作效应(G×E)的变异, 二者对产量差异的影响远大于家系基因型间对产量差异的影响, 分别为家系效应的 10.20 倍和 1.44 倍。

AMMI 模型分析结果表明, 前 3 个交互主成分轴均达到极显著水平($P < 0.01$), IPCA1、IPCA2 和 IPCA3 分别解释了交互作用的 76.74%、16.59% 和 6.63%, 累计共解释 99.96%, 说明 AMMI 模型能更有效地分析家系基因型与环境的互作。

2.2 双标图 AMMI 模型分析

从家系和环境的 AMMI₁ 双标图(图 1)可见, 在反映产量高低的横坐标上, 环境图标较家系图标更为分散, 表明环境间的产量差异远远大于家系间的差异, 同一家系在各实验点的产量差异较大, 同一实验点的各家系产量差异相对较小, 其中山东烟台芝罘区(E₅)的产量最高, 辽宁葫芦岛(E₁)的产量最低; 福建东山(E₃)和山东荣成(E₄)的产量较高, 江苏连云港(E₂)的产量较低。纵坐标方向反映的是家系与环境互作的差异, 图标越接近 IPCA1 零值表示家系与环境互动越小, 品种的稳定性和环境对家系差异的分辨力越低。在 IPCA1 上, 家系 G₅ 的稳定性最好, 家系 G₁₀ 的稳定性最差, 环境以山东荣成(E₄)分辨力最差。

表 2 体质量方差分析与 AMMI 模型分析
Tab.2 Results of variance and AMMI analysis on body weight

变异来源 source of variation	df	SS	MS	F	占总平方和的比例/% accounted for proportion for total sum of square
总变异 total variation	258	140 028 128.500	542 744.70		
基因 genotypes	10	10 507 454.390	1 050 745.00	60.58**	7.50
环境 environments	4	107 093 597.400	26 773 399.00	1543.68**	76.48
交互作用 G×E interaction	37	15 152 650.810	409 531.10	23.61**	10.82
IPCA1	13	11 628 950.550	894 534.70	51.57**	76.74
IPCA2	11	2 513 921.680	228 538.30	13.17**	16.59
IPCA3	9	1 005 538.450	111 726.50	6.44**	6.63
残差 residual	6	104 062.860	17 343.81		
误差 error	207	134 294 999.400	648 768.10		

注: *表示显著达到 0.05 水平; **表示显著达到 0.01 水平。

Notes: * and ** are significant at 0.05 and 0.01 levels, respectively.

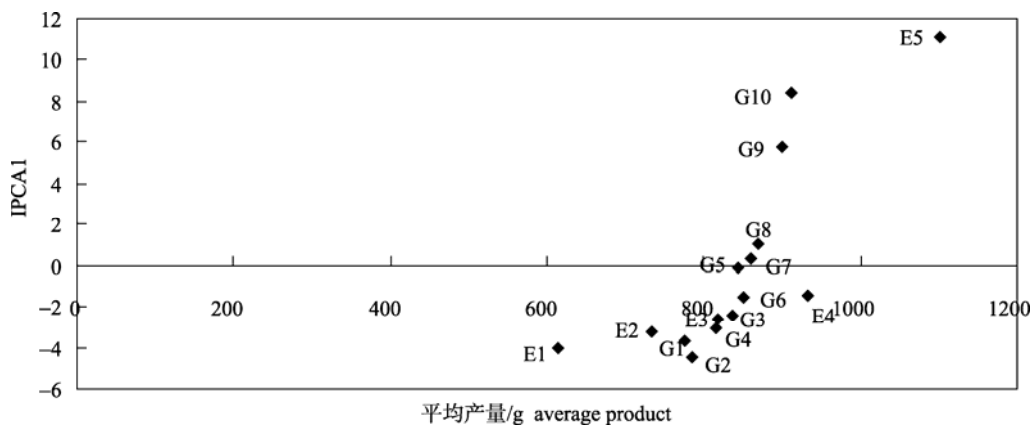


图 1 体质量 AMMI₁ 模型双标图
Fig. 1 AMMI₁ biplots of body weight

AMMI₁ 双标图只代表了 76.74%家系与环境交互变异信息, 据此推断家系的稳定性和环境的分辨力不全面, 因此, 利用各家系在 IPCA1(横轴)和 IPCA2(纵轴)上的得分作 AMMI₂ 双标图(图 2), 则代表了大部分交互变异信息(93.33%)。在 AMMI₂ 双标图中, 离坐标原点的距离越近, 则家系越稳定、环境分辨力越差。图 2 可以直观地看出, 10 个家系中稳定性表现最好的是家系 G₅; 环境以山东烟台芝罘区(E₅)分辨力最高。

10 个家系中, 研究家系所最适应的环境需要利用 AMMI₃ 双标图, 即“哪个赢在哪里”功能图(“which-won-where”view of the AMMI₃ biplot)来进行研究。“哪个赢在哪里”功能图的功能是按照

家系—环境的相互关系来对实验点分组并揭示各组内最高产的家系^[21]。图 3 中的多边形由连接同一方向上距离原点最远的家系而成; 它把所有家系都框在其内。由原点发出的射线是对多边形各边的垂线。这些垂线把整个双标图分成扇形区, 并由此把实验点分为不同的组。“哪个赢在哪里”功能图有一个有趣而重要的特性, 各区内位于多边形顶角上的家系恰好是本区内各环境下名义上最高产的家系。5 个实验点被分为 3 组, E₃ 为一组, E₅ 为一组, E₁、E₂ 和 E₄ 为一组。家系 G₆ 在环境 E₃ 最高产, 是“赢家”, 家系 G₁₀ 在环境 E₅ 最高产, 是“赢家”, 而 G₂ 在环境 E₁、E₂ 和 E₄ 最高产, 是“赢家”。

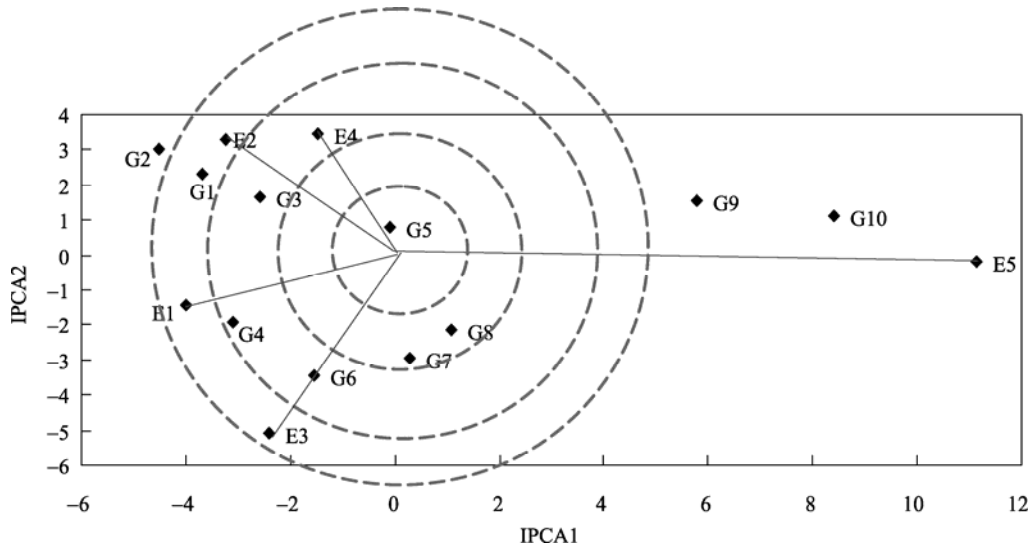


图 2 AMMI₂ 模型双标图
Fig. 2 AMMI₂ biplots (IPCA1, IPCA2)

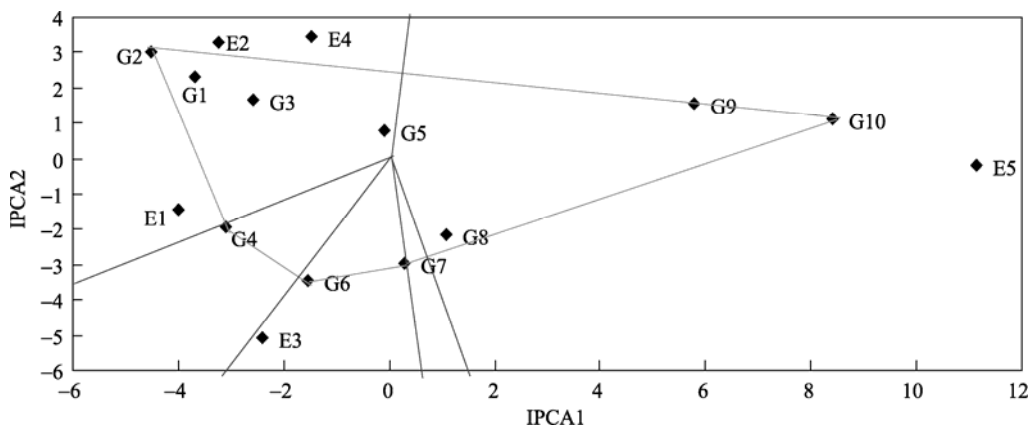


图 3 AMMI₃ 双标图的“哪个赢在哪里”功能形态
Fig. 3 “Which-won-where”view of the AMMI₃ biplot

2.3 家系基因型和环境的稳定性参数分析

AMMI₂ 分析结果尽管有相当的可靠性, 但仍未考虑 IPCA3 上 6.63% 的互作信息。为了更全面准确地评判, 利用在前 3 个家系和环境的主成分轴(IPCA1~IPCA3)上的得分, 计算各家系的稳定性参数 $D_{i(j)}$ 。从表 3 可以看出, 家系 G₅ 的 $D_{i(j)}$ 最小(1.154 975)最稳定, 其次是家系 G₈(2.668 016), 家系 G₁₀ 最不稳定, 家系间 D_i 最大相差 7.400 倍。综合产量和适应度, 属于高产、稳产、广适应性好的家系 G₅ 和家系 G₈。

同样, 用 IPCA1~IPCA3 得分计算地点对品种的分辨力(D_j), 地点分辨力依次为山东烟台芝罘区(E₅)>福建东山(E₃)>江苏连云港(E₂)>辽宁葫芦岛(E₁)>山东荣成(E₄)(表 4)。即环境以辽宁葫芦岛(E₁)和山东荣成(E₄) 对家系的分辨力较弱, 山东烟台芝罘区(E₅)和福建东山(E₃)对家系的分辨力较强。

3 讨论

在鱼类育种中, 有关基因型—环境的交互作用对生长性状影响的研究主要集中于地理群体和环境的交互作用, 在家系水平上对鱼类基因型和环境互作的研究较少^[9, 22]。已有研究认为, 基于遗传相关高, G×E 交互作用低, 遗传相关低, G×E 交互作用高, 因此, 这方面工作主要是通过

研究不同环境间同一性状的遗传相关来实现。与本实验所采用的方法直接求出 G×E 交互效应不同, 环境间同一性状的遗传相关只是研究了 G×E 交互作用是否存在及大小, 具体 G×E 效应值不能得出。通过遗传相关研究 G×E 交互作用结果表明, 除大鳞大马哈鱼 (*Oncorhynchus tshawytscha*)外, 在其它鱼类基本上显示出非常显著的 G×E 交互作用^[10], 虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)在不同环境间(不同的养殖系统和盐度)从 1 龄鱼开始养殖到 2~3 kg 时, 体质量的遗传相关范围是 0.58~0.86^[23]; 同样对于虹鳟, 如果从开口摄食开始就在不同的养殖密度下养殖, 体质量的遗传相关范围是 0.32~0.90^[24]; 海鲷(*Sparus auratus*)在均重 4.8 g 时被标记并分别在网箱和密集的养殖池系统中养殖, 达到商业规格(360~480 g)时, 体质量的遗传相关是 0.70±0.10^[25]; 美国黑鲈(*Dicentrarchus labrax*)雄鱼在不同处理间育种值相关系数是低到中等, 范围是 0.01~ 0.51^[11], 这表明美国黑鲈雄鱼体质量组分中存在着 G×E 交互作用; 美国黑鲈 33 尾雄鱼和 23 尾雌鱼构建的 253 个全同胞家系被利用来进行体质量遗传参数和 G×E 互作效应估计, 所有鱼在相同的养殖池中养殖 14 月龄均重达到 35 g 时, 选择 7 000 尾标记并称重, 分布到法国、以色列、意大利和葡萄牙 4 个环境条件变化较大的地区养殖, 当均重达 400 g 时, 每个区域采集 1 177~

表 3 家系的稳定性参数
Tab. 3 Stability parameters of families

代码 code	家系 family	IPCA1	IPCA2	IPCA3	D_i	位次 seating arrangement
G ₁	2#	-3.699 44	2.312 73	-3.428 12	5.548 566	7
G ₂	13#	-4.528 78	2.997 26	2.910 92	6.161 726	9
G ₃	4#	-2.582 33	1.687 34	0.016 67	3.084 773	4
G ₄	15#	-3.096 35	-1.935 00	-1.983 05	4.155 008	5
G ₅	6#	-0.108 79	0.796 80	0.829 00	1.154 975	1
G ₆	8#	-1.538 91	-3.451 74	2.128 86	4.337 603	6
G ₇	26#	0.289 98	-2.932 86	0.426 52	2.977 864	3
G ₈	18#	1.075 86	-2.154 64	-1.148 20	2.668 016	2
G ₉	36#	5.770 82	1.557 17	1.209 29	6.098 321	8
G ₁₀	19#	8.417 93	1.122 93	-0.961 88	8.546 796	10

表 4 地点的稳定性参数
Tab. 4 Stability parameters of sites

代码 code	地点 location	IPCA1	IPCA2	IPCA3	D_i	位次 seating arrangement
E ₁	辽宁葫芦岛 Huludao, Liaoning	-4.002 83	-1.443 12	3.338 80	5.408 588	4
E ₂	江苏连云港 Lianyungang, Jiangsu	-3.221 45	3.285 73	-3.710 96	5.911 428	3
E ₃	福建东山 Dongshan, Fujian	-2.414 04	-5.068 37	-1.858 71	5.913 609	2
E ₄	山东荣成 Rongcheng, Shandong	-1.487 99	3.434 03	2.211 65	4.347 191	5
E ₅	山东烟台芝罘区 Yantaizhifu, Shandong	11.126 30	-0.208 27	0.019 22	11.128 270	1

1 667 尾鱼测量体质量并计算日生长系数(DGC), 经统计分析, 不同区域间体质量的遗传相关是较高的(在 6 个相关系数中, 有 5 个大于 0.80), 但日生长系数的遗传相关除 1 个数值外, 其余仅达到中等水平 (0.21~ 0.61), 这表明日生长系数中存在显著的 G×E 交互作用^[9]。研究结果表明, 不同鱼种, 不同环境间的遗传相关不同, G×E 交互作用存在较大差异。

在基于电子标记的大规模家系选育技术对大菱鲆进行遗传改良时^[17-18], 考虑到大菱鲆的世代间隔较长, 选育进展相对缓慢, 制定了品种选育和优良家系推广相结合的育种规划。在大菱鲆选择育种过程中, 既要选择具有普适性的优良基因型以利于新品系(或新品种)选育; 又要选择适合于某一特定环境的基因型以利于优良家系的推广。综合双标图 AMMI 模型分析和稳定性参数分析, 家系 G₅ 和家系 G₈ 属于高产、稳产、广适应性较好的家系, 其基因型适于新品系(或新品种选育); 进一步通过“哪个赢在哪里”功能图研究发现, 5 个实验点可被分为 3 组, E₃ 为一组, E₅ 为一组, E₁、E₂ 和 E₄ 为一组。家系 G₆ 在环境 E₃ 最高产, 适于在 E₃ 推广, 家系 G₁₀ 在环境 E₅ 最高产, 适于在 E₅ 通过, 而 G₂ 在环境 E₁、E₂ 和 E₄ 最高产, 适于在 E₁、E₂ 和 E₄ 这 3 个环境下推广。

参考文献:

- [1] 黄英姿, 毛盛贤. 基因型与环境互作研究的新进展[J]. 作物学报, 1992, 18(2): 116-125.
- [2] Westcott B. Some methods of genotype-environmental interaction [J]. Heredity, 1986, 56(1): 243-253.
- [3] Yates F, Cochran W G. The analysis of groups of experiments[J]. Journal of Agricultural Science, 1938, 28(4): 556-580.
- [4] Freeman G H. Statistical methods for the analysis of genotype-environmental interaction[J]. Heredity, 1973, 31(4): 339-354.
- [5] Hill J. Genotype-environmental interaction-a challenge for plant breeding[J]. Journal of Agricultural Science, 1975, 85(4): 47-493.
- [6] 叶志宏, 施季森, 杨荣才, 等. 杉木基因型与环境交互效应的 AMMI 模型分析[J]. 南京林业大学学报, 1993, 17(4): 15-21.
- [7] Comstock R E, Moll R H. Genotype-Environment Interactions[M]. Symposium on Statistical Genetics and Plant Breeding: NASNRC Publication, 1963: 164-196.
- [8] 邓岳文, 刘晓, 张国范. 皱纹盘鲍基因型与环境互作的初步研究[J]. 海洋科学, 2005, 29(12): 32-34.
- [9] Mathilde D N, Bilge K N, Alain V, et al. Genotype by environment interactions for growth in European sea bass (*Dicentrarchus labrax*) are large when growth rate rather than weight is considered[J]. Aquaculture, 2010, 306(1-4): 365-368.
- [10] Dunham R A, Brummett R E, Ella M O, et al. Genotype-environment interactions for growth of blue, channel and hybrid catfish in ponds and cages at varying densities[J]. Aquaculture, 1990, 85(1-4): 143-151.
- [11] Saillant E, Dupont-Nivet M, Haffray P, et al. Estimates of heritability and genotype-environment interactions for body weight in sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) raised under communal rearing conditions[J]. Aquaculture, 2006, 254(1-4): 139-147.
- [12] Muthuramu S, Jebaraj S, Gnanasekaran M. AMMI biplot analysis for drought tolerance in rice (*Oryza sativa* L.)[J]. Research Journal of Agricultural Sciences, 2011, 2(1): 98-100.
- [13] Srinivasa R P, Sanjana R P, Rathore A, et al. Application GGE biplot and AMMI model to evaluate sweet sorghum (*Sorghum bicolor*) hybrids for genotype × environment interaction and seasonal adaptation[J]. Indian Journal of Agricultural Sciences, 2011, 81 (5): 438-44.
- [14] Bhattacharya S, Ghosh S K. Association among yield related traits of twenty-four diverse land races of rice[J]. Crop Research, 2004, 27(1): 90-93.
- [15] 李武, 谢德意, 段峥峥, 等. 基于 AMMI 模型分析棉花基因型与环境互作效应[J]. 河北农业科学, 2010, 14 (4): 158-160.
- [16] 王军, 郭二虎, 袁峰, 等. 基于 AMMI 模型分析谷子基因型与环境互作效应[J]. 河北农业科学, 2010, 14 (11): 107-111.
- [17] 马爱军, 王新安, 薛宝贵, 等. 大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)选育家系的构建和培育技术研究[J]. 海洋与湖沼, 2010, 41(3): 301-306.
- [18] 王新安, 马爱军, 黄智慧, 等. 大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)大规模家系选育优良家系的生长发育规律[J]. 海洋与湖沼, 2011, 42(2): 266-273.
- [19] Gollob H F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques[J]. Psychometrika, 1968, 33: 73-115.
- [20] 徐良年, 高三基, 邓祖湖, 等. AMMI 模型在甘蔗区域实验中的应用[J]. 江西农业大学学报, 2004, 26(5): 735-739.
- [21] Yan W, Hunt L A, Sheng Q L, et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot [J]. Crop Science, 2000, 40(1): 596-605.
- [22] Winkelman A M, Peterson R G. Heritabilities, dominance variation, common environmental effects and genotype by environment interactions for weight and

- length in chinook salmon [J]. *Aquaculture*, 1994, 125 (1-2): 17-30.
- [23] Sylven S, Rye M, Simianer H. Interaction of genotype with production system for slaughter weight in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) [J]. *Livestock Production Science* 1991, 28(3): 253-263.
- [24] Bagley M J, Bentley B, Gall G A E. A genetic evaluation of the influence of stocking density on the early growth of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) [J]. *Aquaculture*, 1994, 121(4): 313-326.
- [25] Navarro A, Zamorano M J, Hildebrandt S, *et al.* Estimates of heritabilities and genetic correlations for growth and carcass traits in gilthead seabream (*Sparus auratus* L.) under industrial conditions [J]. *Aquaculture*, 2009, 289(3-4): 225-230.

Analysis of genotype-environmental interaction of turbot (*Scophthalmus maximus*) based on AMMI model

MA Ai-jun*, WANG Xin-an

(Key Lab for Sustainable Utilization of Marine Fishery Resources, Ministry of Agriculture, Qingdao, Key Laboratory for Marine Fish Breeding and Biotechnology, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China)

Abstract: Turbot (*Scophthalmus maximus*), a flatfish of deep water species, is a high-nutrition and economic-valued species and currently cultured widely in China. In recent years, however, serious germ plasm degeneration has come into being due to the lack of the long-term and effective broodstock management programmes, production of farmed turbot became highly unstable and total output declined gradually. Therefore, large-scale family selection programs recurring to PIT tag have been used to initiate the genetic improvement of turbot since national eleventh five-year plan by the Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Science. At present, F₂ population has been finished. In order to obtain new strains (or new varieties) and the extension of fine families, it was highly important, in the process of selective breeding, to obtain fine families with universality and fine families with exclusiveness. Thus, we carried out genotype-environment interaction analysis. In this paper, ten families from turbot selective breeding F₂ were dispatched in randomized block design to five farms in different locations (Liaoning, Jiangsu, Fujian, Shandong-1, Shandong-2) representing a wide variety of environmental conditions and data of body weight were collected. AMMI (Additive Main and Multiplicative Interaction) Model was used to analyze data collected. The results showed that G×E interaction for body weight was significantly different ($P < 0.01$) and G×E effects on body weight was higher than those of families genotype. The former was equal to 1.44 times of the latter. The yield of family G₅ and G₈ was comparatively high (844.796 g and 868.888 g) and the stability parameter of the two families was the lowest (1.154 975 and 2.668 016). Obviously, family G₅ and G₈ had a high and stable yield and wide adaptability and the two kinds of genotypes were beneficial to selective breeding of new variety (or new strain). Five test locations were divided into three environment groups, i.e., Group E₃, Group E₅ and Group E₁-E₂-E₄, at the same time, family G₆, G₁₀ and G₂ should be dispatched to the environment Groups E₃, E₅, E₁-E₂-E₄, respectively, based on “Which- won- where” view of the AMMI biplot (the yield of family G₆, G₁₀ and G₂: 851.768 g, 911.664 g and 784.764 g). The conclusion of the study can provide theoretic basis for selective breeding of new strains (or new varieties) and the extension of fine families.

Key words: *Scophthalmus maximus*; AMMI model; genotype; environment; interaction

Corresponding author: MA Ai-jun. E-mail: maaj@ysfri.ac.cn