

**ORIGINAL ARTICLE**

# Estimating breeding value of the morphological traits in oilseed sunflower genotypes under normal and drought stress conditions with microsatellite and retrotransposon based markers

Nasrin Akbari<sup>1</sup>, Reza Darvishzadeh<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

**Correspondence**

Reza Darvishzadeh

Email: [r.darvishzadeh@urmia.ac.ir](mailto:r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)

**How to cite**

Akbari, N., & Darvishzadeh, R. (2024). Estimating breeding value of the morphological traits in oilseed sunflower genotypes under normal and drought stress conditions with microsatellite and retrotransposon based markers. *Crop Biotechnology*, 14(45), 41-61.

**ABSTRACT**

Knowledge on genes effect and action (additive/dominance) is one of the necessities to achieve cultivars with high performance and quality. Estimating the breeding value (additive effect) can be done thanks to molecular markers through best linear unbiased prediction (BLUP). In the present study, 100 oilseed sunflower genotypes were evaluated based on the 10×10 lattice design during two crop years of 1392-1393 under normal and drought stress (irrigation limitation) conditions. The breeding value of 13 traits in 78 genotypes out of 100 was estimated due to having genotyping data with SSR and Retrotransposon based markers in each one of normal and drought stress (irrigation limitation) conditions through BLUP. For this purpose, the kinship matrix was calculated by SSR and Retrotransposon based markers data. According to total ranks of breeding values of all studied traits estimated by molecular data of both markers, in normal conditions, genotypes 47, 11, 8 and 35 and under drought stress (irrigation limitation) conditions, genotypes 8, 11 and 35 showed the highest breeding value. Based on SSR markers data in normal conditions; genotypes 76, 36, 34 and 41 and based on Retrotransposon based markers data; genotypes 61, 78, 72 and 52, and in drought stress (irrigation limitation) conditions based on SSR markers data; genotypes 76, 38, 34, 29 and 70 and based on Retrotransposon based markers data; genotypes 16, 71, 78 and 61 showed the lowest breeding value. Considering both studied conditions and all studied traits and both molecular markers information, genotypes 8, 11 and 35 with high breeding value are introduced as desirable parents for breeding programs.

**KEY WORDS**

Abiotic stress, Gene action, Molecular marker, Prediction of breeding value, Sunflower.

نشریه علمی

## زیست فناوری گیاهان زراعی

«مقاله پژوهشی»

# برآورد ارزش اصلاحی صفات مورفولوژیک آفتابگردان دانه روغنی تحت شرایط نرمال و تنش خشکی با نشانگرهای میکروساتلیت و مبتنی بر رتروترانسپوزون

نسرین اکبری<sup>۱</sup>، رضا درویش زاده<sup>۱\*</sup>

### چکیده

اطلاع از نحوه عمل (افزایشی / غالبیت) و میزان اثر ژن‌ها یکی از ضروریات جهت دستیابی به ارقام با عملکرد و کیفیت بالاست. برآورد ارزش اصلاحی (اثر افزایشی) می‌تواند به واسطه نشانگرها و از طریق بهترین پیش‌بینی خطی ناریب انجام شود. در پژوهش حاضر ۱۰۰ ژنوتیپ آفتابگردان دانه روغنی، بر اساس طرح لاتیس ۱۰×۱۰ طی دو سال زراعی ۱۳۹۲-۱۳۹۳ تحت دو شرایط نرمال و تنش خشکی (محدودیت آبیاری) ارزیابی شدند. ارزش اصلاحی ۱۳ صفت در ۷۸ ژنوتیپ از ۱۰۰ ژنوتیپ به واسطه داشتن داده‌های ژنوتیپ‌سنجی با نشانگرهای SSR و مبتنی بر Retrotransposon در هر یک از شرایط نرمال و تنش خشکی (محدودیت آبیاری) از طریق بهترین پیش‌بینی خطی ناریب (BLUP) برآورد شد. به این منظور از ماتریس خویشاوندی یا Kinship حاصل از داده‌های مولکولی SSR و مبتنی بر Retrotransposon استفاده شد. با توجه به مجموع رتبه‌های ارزش‌های اصلاحی همه صفات مورد مطالعه و بر اساس داده‌های مولکولی هر دو نشانگر، تحت شرایط نرمال ژنوتیپ‌های ۴۷، ۱۱، ۸ و ۳۵ و تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری) ژنوتیپ‌های ۸، ۱۱ و ۳۵ از بالاترین رتبه ارزش اصلاحی برخوردار بودند. بر اساس داده‌های مولکولی SSR در شرایط نرمال ژنوتیپ‌های ۷۶، ۳۶، ۳۴ و ۴۱ و بر اساس داده‌های مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون ژنوتیپ‌های ۶۱، ۷۸، ۷۲ و ۵۲ و در شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری) بر اساس داده‌های مولکولی SSR ژنوتیپ‌های ۷۶، ۳۸، ۳۴، ۲۹ و ۷۰ و بر اساس داده‌های مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون ژنوتیپ‌های ۱۶، ۷۱، ۷۸ و ۶۱ از پایین‌ترین رتبه ارزش اصلاحی برخوردار بودند. در مجموع دو شرایط و با در نظر گرفتن کل صفات مورد مطالعه و هر دو نشانگر مولکولی، ژنوتیپ‌های ۸، ۱۱ و ۳۵ با ارزش اصلاحی بالا به عنوان والدین مطلوب برای اصلاح صفات در برنامه‌های به‌نژادی معرفی می‌شوند.

### واژه‌های کلیدی

آفتابگردان، پیشگویی ارزش اصلاحی، تنش غیر زیستی، عمل ژن، نشانگر مولکولی.

<sup>۱</sup>گروه تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران.

نویسنده مسئول:

رضا درویش‌زاده

رایانامه: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir

استناد به این مقاله:

اکبری، نسرین و درویش‌زاده، رضا (۱۴۰۳). برآورد ارزش اصلاحی صفات مورفولوژیک آفتابگردان دانه روغنی تحت شرایط نرمال و تنش خشکی با نشانگرهای میکروساتلیت و مبتنی بر رتروترانسپوزون. فصلنامه علمی زیست فناوری گیاهان زراعی، ۱۴(۴۵)، ۴۱-۶۱.

## مقدمه

آفتابگردان به عنوان یک محصول دانه روغنی مطرح در سراسر جهان (Shi et al., 2023) حدود ۱۰ درصد روغن نباتی جهان را تأمین می‌کند (Rauf, 2019). این گیاه به تنش خشکی نسبتاً مقاوم بوده (Shi et al., 2023) و بسته به نوع خاک از کارایی مصرف آب، حدود ۰/۵۴ - ۰/۴۴ کیلوگرم بر مترمربع برخوردار است (Tolk & Howell, 2012). تنش خشکی بر عملکرد آفتابگردان به طور منفی تأثیر می‌گذارد (Shi et al., 2023). تنش خشکی به عنوان یکی از پیامدهای تغییرات اقلیمی در جهان؛ مهم‌ترین تنش غیرزیستی با بیشترین تأثیر محدودکننده‌گی در تولید محصولات زراعی است (Saint Pierre et al., 2012; Muhammad Samran Gul, 2012; Grnt, 2012). با توجه به روند رو به افزایش خطر خشکسالی در دهه‌های اخیر، بر اصلاح و به کارگیری رویکردهای مؤثر در مدیریت تنش خشکی توصیه و تأکید می‌شود (Asif & Shehzada et al., 2020). در روش‌های کلاسیک، ارزیابی‌های ژنتیکی در گرو دسترسی به اطلاعات فنوتیپی و شجره‌ای است که مورد اخیر باعث طولانی شدن زمان مورد نیاز و کاهش نرخ بهبود ژنتیکی به دلیل طولانی‌تر شدن فاصله زمانی می‌شود (Schaeffer et al., 2006). به لطف توسعه تکنولوژی نشانگرهای مولکولی می‌توان از اطلاعات ژنوتیپی در سطح DNA برای برآورد ارزش‌های اصلاحی و افزایش پیشرفت ژنتیکی با کاهش زمان به‌نژادی استفاده نمود (Saatchi et al., 2010).

ارزش اصلاحی<sup>۱</sup> (BV) مجموع متوسط اثرات تمام آل‌های یک ژنوتیپ برای یک صفت خاص را منعکس می‌کند. در واقع ارزش اصلاحی، برآورد ارزش یک فرد از طریق میانگین ارزش فنوتیپی نتاج‌اش می‌باشد، که از تلاقی تصادفی با جمعیت بدست آمده‌اند (Falconer & Mackay, 1996). با گسترش نشانگرهای مولکولی امکان تهیه داده‌های ژنوتیپی با اطلاعات چندشکلی بالا فراهم شده است. در این میان یکی از نشانگرهای مطرح در مطالعات مولکولی، نشانگرهای رتروترانسپوزونی هستند، که بخش وسیعی از ژنوم را پوشش و عملکرد ژن‌ها را تحت تأثیر قرار می‌دهند (Gbadegesin & Beeching, 2010). این عناصر ژنتیکی متحرک، در ژنوم یوکاریوت‌ها حضور دارند (Kalendar et al., 2011). نشانگرهای REMAP<sup>۲</sup>، RBIP<sup>۳</sup> و iPBS<sup>۴</sup>

IRAP<sup>۵</sup> (Amiteye, 2021) از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون‌ها بشمار می‌روند. در حال حاضر از نشانگرها می‌توان برای تخمین ارزش‌های اصلاحی استفاده کرد (Meuwissen et al., 2001; Sinha et al., 2023). استفاده از اطلاعات ژنوتیپی حاصل از نشانگرها به دلیل برخورداری از دقت بالا، دسترسی در تمام مراحل رشد گیاه و کوتاه شدن دوره انتخاب ارزشمند و کارا می‌باشد (Meuwissen & Goddard, 2010). تخمین ارزش‌های اصلاحی را می‌توان با استفاده از اطلاعات DNA جهت محاسبه ماتریس شباهت‌های ژنتیکی، در غیاب دسترسی به شجره ژنوتیپ‌ها انجام داد (Piepho, 2009; Jannink et al., 2010). این امر باعث کاهش فاصله نسل و افزایش پیشرفت ژنتیکی می‌شود (König et al., 2009). با تخمین ارزش‌های اصلاحی هزینه‌ها، به دلیل کاهش فاصله نسل‌ها تا ۹۲ درصد کاهش یافته و تغییرات ژنتیکی با ضریب ۲ افزایش نشان می‌دهند (Schaeffer et al., 2006).

برآورد ارزش اصلاحی صفات موفولوژیک به وسیله نشانگرها با استفاده از بهترین پیش‌بینی خطی نایب (BLUP) در مطالعات گیاهی امروزه بسیار مورد توجه قرار گرفته است (Bernardo, 2020). برآورد ارزش اصلاحی صفات مختلف در مطالعات چندی از جمله در انگور بر اساس نشانگر مولکولی REMAP (Razi et al., 2020)، لاین‌های Tritipyrum ایرانی تحت تنش شوری (Roudbari et al., 2017)، توتون‌های شرقی تحت تنش گل‌جالیز با استفاده از نشانگرهای SSR (Tahmasbali et al., 2020)، ذرت بر اساس نشانگرهای رتروترانسپوزونی IRAP و REMAP (Ghahramani & Darvishzadeh, 2021) و ذرت تحت تنش شوری با استفاده از نشانگرهای SNP (Afrouz et al., 2021, 2023) انجام شده است. Tahmasbali et al. (2020) استفاده از اطلاعات ارزش اصلاحی صفات را در کنار اطلاعات فنوتیپی به منظور افزایش کارایی برنامه‌های اصلاحی ضروری دانستند. در این مطالعه برآورد ارزش اصلاحی ۱۳ صفت مورفولوژیک در ۷۸ ژنوتیپ آفتابگردان دانه روغنی از ۱۰۰ ژنوتیپ در دسترس تحت شرایط نرمال و تنش خشکی (محدودیت آبیاری) با استفاده از نشانگرهای میکروساتلایت و مبتنی بر رتروترانسپوزون برای اولین بار گزارش می‌شود. نتایج تحقیق می‌تواند برای به‌نژادگران در انتخاب برترین ژنوتیپ جهت استفاده در برنامه‌های اصلاحی پیش‌رو مفید و مؤثر واقع شود.

<sup>۱</sup> Breeding value

<sup>۲</sup> Retrotransposon-microsatellite amplified polymorphism

<sup>۳</sup> Retrotransposon-based insertion polymorphisms

<sup>۴</sup> Inter-primary binding site (iPBS) retrotransposon markers

<sup>۵</sup> Inter-retrotransposon amplified polymorphism

## مواد و روش‌ها

### مواد گیاهی

در این تحقیق ۱۰۰ ژنوتیپ آفتابگردان دانه روغنی؛ تهیه شده از مراکز تحقیقاتی مختلف جهان (جدول ۱)، در دو آزمایش جداگانه؛ آبیاری نرمال و محدودیت آبیاری (تنش خشکی)، در قالب طرح لاتیس ساده ۱۰×۱۰ در روستای قزله شهرستان سلماس طی دو سال (سال‌های ۱۳۹۲ و ۱۳۹۳) کشت شدند. کشت در خطوط به طول ۵ متر با فاصله ۶۰ سانتی‌متر از هم انجام گرفت. فاصله بین بوته‌ها روی خطوط کشت ۵۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. در هر دو سال، تا مرحله ۸ برگی آبیاری مزرعه در هر دو آزمایش آبیاری معمول و آبیاری محدود بعد از ۹۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک تبخیر کلاس A صورت گرفت. از مرحله ۸ برگی آبیاری آزمایش آبیاری معمول و آزمایش آبیاری محدود تا انتهای فصل رشد به ترتیب بعد از ۹۰ و ۱۸۰ میلی‌متر تبخیر از تشتک کلاس A انجام گرفت. ۱۳ صفت در هر یک از کرت‌های زراعی در هر تکرار روی ۵ بوته اندازه‌گیری و از داده‌ها میانگین گرفته شد. عملکرد دانه پس از برداشت ۵ بوته از هر ردیف و جدا کردن دانه برحسب گرم و تقسیم وزن کل به تعداد بوته محاسبه شد. ارتفاع بوته از محل طوقه در سطح خاک تا محل اتصال آن به طبق بر حسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد. تعداد برگ به واسطه شمارش تعداد کل برگ در بوته اندازه‌گیری شد. به منظور اندازه‌گیری طول برگ، عرض برگ و طول دمبرگ از هر بوته ۳ برگ از موقعیت‌های مختلف انتخاب و طول برگ، عرض برگ و طول دمبرگ برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد. روز تا گلدهی (روز) از تاریخ کاشت تا زمانی که در ۵۰ درصد بوته‌ها گلبرگ‌ها از طبق خارج شدند، بر حسب روز تعیین و محاسبه شد. روز تا رسیدگی (روز) از تاریخ کاشت تا زمانی که در ۹۵ درصد بوته‌ها پشت طبق‌ها کاملاً زرد شدند، بر حسب روز تعیین و محاسبه شد. صفت قطر ساقه از ۴ سانتی‌متر بالاتر از سطح خاک با استفاده از کولیس برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد. برای اندازه‌گیری قطر طبق، در هر طبق طول و عرض بر حسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شده و از داده‌ها میانگین گرفته شد. به منظور تعیین محتوای روغن دانه (درصد) از روش سوکسوله استفاده شد. کلروفیل با استفاده از کلروفیل‌متر (SPAD- 502) در مرحله پرشدن دانه در سه نقطه مختلف جوان‌ترین برگ توسعه یافته اندازه‌گیری شد. برای سنجش محتوای نسبی آب برگ (درصد) از جوان‌ترین برگ توسعه یافته قبل موعد آبیاری دیسک‌های برگی تهیه و وزن تر آنها اندازه‌گیری شد (FW)، سپس نمونه‌های برگی به مدت ۲۴ ساعت در محیط کم نور

به صورت غوطه‌ور در آب مقطر نگهداری شدند، بعد با کاغذ صافی آب‌گیری کامل برگ‌ها انجام و وزن اشباع آنها اندازه‌گیری شد (TW). سپس نمونه‌های برگی به مدت ۲۴ ساعت در آن با دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند و وزن خشک نهایی ثبت گردید (DW). از فرمول زیر جهت محاسبه محتوای آب برگ استفاده گردید (Abdi et al., 2012).

$$\text{محتوای نسبی آب} = \left\{ \frac{\text{وزن خشک برگ} - \text{وزن تر اشباع برگ}}{\text{وزن تر برگ}} \right\} \times 100$$

### استخراج DNA

در ارزیابی‌های مولکولی، DNA ۷۸ لاین از ۱۰۰ لاین آفتابگردان مورد بررسی (جدول ۲) به روش CTAB<sup>۱</sup> (Doyle & Doyle, 1990) از بافت تازه برگ‌های استخراج شد. به ترتیب از الکتروفورز ژل آغاز یک درصد و اسپکتروفتومتری، به منظور ارزیابی کیفیت و کمیت DNA استفاده شد. برای تهیه پروفایل مولکولی لاین‌های مورد مطالعه از ۷ ترکیب آغازگر مبتنی بر رتروترانسپوزون IRAP، ۷ ترکیب آغازگر REAMP و ۳۰ جفت آغازگر SSR استفاده گردید. اطلاعات مربوط به آغازگرهای استفاده شده، نحوی اجرای مراحل واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR) و برنامه دمایی PCR برای نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون در مقاله Basirnia et al. (2016) و همچنین اطلاعات در رابطه با نشانگرهای مبتنی بر SSR در مقاله Sahranavard-Azartamar و همکاران (2016) ارائه شده است.

### تجزیه‌های آماری

پیش‌گویی ارزش اصلاحی صفات برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، در هر یک از محیط‌های نرمال و تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، به روش بهترین پیش‌بینی خطی ناریب (BLUP) و نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام شد (Bernardo, 2007). ساختار مدل خطی مخلوط به شکل زیر می‌باشد:

$$Y = Xb + Zu + e \quad \text{رابطه ۱}$$

که در آن Y بردار مشاهدات، u و b به ترتیب بردارهای اثرات ثابت و تصادفی، X و Z به ترتیب ماتریس‌های تلاقی<sup>۲</sup> و e بردار

<sup>۱</sup> Cetyl trimethylammonium bromide

<sup>۲</sup> Polymerase chain reaction

<sup>۳</sup> Incidence matrices

باقی‌مانده تصادفی است.

## جدول ۱. ژنوتیپ‌های آفتابگردان دانه روغنی مورد مطالعه تحت شرایط نرمال و تنش خشکی (محدودیت آبیاری)

کد	نام کشور	نام لاین	کد	نام کشور	نام لاین
۱	فرانسه	H100A/83HR4	۵۱	فرانسه	H250A/83HR4
۲	فرانسه	H209A/LC1064	۵۲	آمریکا	RHA265
۳	فرانسه	H205A/H543R	۵۳	آمریکا	PM1-3
۴	فرانسه	AS5306	۵۴	فرانسه	RT948
۵	آمریکا	RHA858	۵۵		283-ENSAT
۶	فرانسه	H209A/83HR4	۵۶	فرانسه	QHP-1
۷	فرانسه	AS3211	۵۷	آمریکا	SDR19
۸	فرانسه	254-ENSAT	۵۸	آمریکا	HA337B
۹	فرانسه	AS5304	۵۹	فرانسه	H100B
۱۰	فرانسه	1009329.2(100K)	۶۰	مجارستان	B454/03
۱۱	فرانسه	270-ENSAT	۶۱	آمریکا	HA304
۱۲	فرانسه	AS613	۶۲	فرانسه	RT931
۱۳	فرانسه	A-FLPOPA	۶۳	آمریکا	HA335B
۱۴	فرانسه	OES	۶۴	فرانسه	NS_B5
۱۵	فرانسه	H100A/LC1064	۶۵	آمریکا	SDB3
۱۶	آمریکا	RHA266	۶۶	فرانسه	LC1064C
۱۷	فرانسه	PAC2	۶۷	فرانسه	NS-R5
۱۸	فرانسه	H157/LC1064	۶۸	آمریکا	DM-2
۱۹	فرانسه	5DES20QR	۶۹	فرانسه	H156A/RHA274
۲۰	فرانسه	15038	۷۰	آمریکا	SDB1
۲۱	فرانسه	1009337(100K)	۷۱	آمریکا	HAR-4
۲۲	فرانسه	AS3232	۷۲	فرانسه	AS5305
۲۳	فرانسه	12AASB3	۷۳	آمریکا	RHA274
۲۴	فرانسه	8ASB2	۷۴	فرانسه	H158A/H543R
۲۵	فرانسه	9CSA3	۷۵	فرانسه	H100A/RHA274
۲۶	فرانسه	H049+FSB	۷۶	فرانسه	H209A/H566R
۲۷	فرانسه	SSD-580	۷۷	فرانسه	ASO-1-POP-A
۲۸	فرانسه	5AS-F1/A2*R5AS-29- F1/A2*R2	۷۸	فرانسه	AS6305
۲۹	فرانسه	7CR1=PRH6	۷۹	فرانسه	B-FIPOPB
۳۰	فرانسه	ENSAT699	۸۰	آمریکا	D34
۳۱	فرانسه	SSD-581	۸۱	فرانسه	CAY
۳۲	فرانسه	TMB-51	۸۲	ایران	346
۳۳	ایران	11*12	۸۳	فرانسه	NS-F1-A5*R5
۳۴	ایران	110	۸۴	ایران	36
۳۵	فرانسه	H603R	۸۵	ایران	38
۳۶	ایران	4	۸۶	فرانسه	SDB2
۳۷	فرانسه	703-CHLORINA	۸۷		H158A/LC1064
۳۸	فرانسه	NSF1-A4*R5	۸۸	فرانسه	H156A/H543R
۳۹	ایران	28	۸۹	فرانسه	H543R/H543R
۴۰	ایران	30	۹۰	فرانسه	H543R
۴۱	مجارستان	F1250/03	۹۱	فرانسه	SF076
۴۲	آمریکا	SDR18	۹۲		B-FIPOPB
۴۳	فرانسه	LP-SCYB	۹۳	فرانسه	SF085
۴۴	صربستان	803-1	۹۴		SF092
۴۵	فرانسه	1009370-1(100K)	۹۵		A-CONTROLPLASTIPIC
۴۶	فرانسه	CSWW2S	۹۶	ایران	59-1
۴۷	فرانسه	1009370-3(100K)	۹۷		H-100A-90RL8
۴۸	فرانسه	H158A/H543R	۹۸	فرانسه	SF109
۴۹	فرانسه	H100A	۹۹	فرانسه	SF105

معنی‌داری ارزش اصلاحی بر اساس آزمون  $t$  ارایه می‌شود. جزئیات انجام آزمون  $t$  در مقاله (Tahmasbali et al., 2020) ارایه شده است.

### نتایج و بحث

بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت ارتفاع بوته تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون و SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۲۶/۲۳\*) و F1250/03 (۴/۲۲) و پایین‌ترین مقدار به ترتیب در ژنوتیپ‌های H100A/83HR4 (۲۴/۰۵-) و 1009329.2(100K) (۱۰/۳۰\*\*) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت ارتفاع بوته با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون، به ترتیب در ژنوتیپ‌های 15038 (۱۳/۴۴) و H209A/83HR4 (۱۶/۸۴-) (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲) مشاهده شد. بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای ارتفاع بوته با نشانگرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های F1250/03 (۳/۰۶) و 1009329.2(100K) (۴/۸۳-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴). بر اساس نشانگرهای SSR ژنوتیپ F1250/03 هم در شرایط نرمال و هم در شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری) از ارزش اصلاحی بالایی برخوردار بود. از این رو اطلاعات خویشاوندی حاصل از نشانگرهای SSR در مقایسه با نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون در معرفی ژنوتیپ‌های با ارزش اصلاحی بالا برای صفت ارتفاع بوته از کارایی بالاتری برخوردار است. صفت ارتفاع بوته به عنوان بهترین و مناسب‌ترین صفت مورفولوژیکی جهت گزینش ژنوتیپ‌های مناسب آفتابگردان تحت تنش شوری و خشکی است و تغییرات ارتفاع بوته از پاسخ‌های گیاه به تنش خشکی و شوری معرفی شده است (Ghaffari et al., 2012; Akbari & Darvishzadeh, 2024). بنابراین شناسایی ژنوتیپ‌های با ارزش اصلاحی بالا برای هر دو شرایط نرمال و تنش خشکی (محدودیت آبیاری) برای این صفت ارزشمند است. بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت تعداد برگ تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون و SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۳/۸۵\*) و AS3211 (۱/۴۱) و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به ترتیب در ژنوتیپ‌های PAC2 (۳/۳۳-) و NS-R5 (۲/۱۸\*\*) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش

اثرات ثابت توسط بهترین برآورد خطی ناریب (BLUE) و اثرات تصادفی از طریق بهترین پیش‌بینی خطی ناریب (BLUP) برآورد می‌شوند. بردارهای  $e$  و  $u$  (اثرات تصادفی) دارای توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس  $Var \begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$  هستند که در آن  $R = Var(e) = \sigma_e^2 I_n$  و  $G = Var(u) = \sigma_u^2 I_t$  هستند و اندیس  $t$  و  $n$  در ماتریس‌های واحد ( $I$ ) به ترتیب تعداد سطوح اثر تصادفی (تیمار یا ژنوتیپ) و تعداد مشاهدات را نشان می‌دهند (Yang, 2010).  $\sigma_e^2$  و  $\sigma_u^2$  به ترتیب واریانس اثر تصادفی و واریانس باقی‌مانده هستند، که اجزای واریانس در  $G$  و  $R$  با حداکثر درست‌نمایی محدود شده برآورد شده جایگزین می‌گردند (Patterson & Thompson, 1971). BLUE از طریق حل معادلات مدل مخلوط ارائه شده توسط هندرسون (Henderson, 1990) محاسبه می‌شوند.

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (\text{رابطه } 2)$$

در اینجا؛  $R = \sigma_e^2 I_n$ ؛  $G = \sigma_u^2 I_t$  است. معادلات هندرسون جهت برآورد ارزش‌های اصلاحی با در نظر گرفتن تعداد متفاوت تکرار ژنوتیپ‌ها و ضرب طرفین معادلات در  $\sigma_e^2$  (Foulley, 2015) به شکل زیر تبدیل می‌شود (Bernardo, 2007).

$$\begin{bmatrix} X'r^{-1}X & X'r^{-1}Z \\ Z'r^{-1}X & Z'r^{-1}Z + \theta^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'r^{-1}Y \\ Z'r^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (\text{رابطه } 3)$$

$$\theta^{-1} = A^{-1} \left( \frac{V_e}{V_g} \right)$$

کـــــه در آن؛  $Var(u) = \sigma_u^2 I_t \approx AV_A$ ؛  $Var(e) = \sigma_e^2 I_n \approx r_n \sigma_e^2$  فرض می‌شوند.  $A$  یک ماتریس  $t \times t$  (تعداد ژنوتیپ) ضرایب خویشاوندی است که درجه کوواریانس ژنتیکی بین افراد را نشان می‌دهد.  $r$  یک ماتریس  $n \times n$  (تعداد مشاهدات) با عناصر خارج قطری صفر و عناصر روی قطر برابر عکس تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها است.  $V_e$  و  $V_A$  به ترتیب واریانس ژنتیکی و واریانس باقی‌مانده هستند. ماتریس خویشاوندی یا Kinship بین ژنوتیپ‌ها به کمک داده‌های مولکولی SSR و Retrotransposon با نرم‌افزار TASSEL محاسبه گردید. از دو برابر ماتریس Kinship به جای ماتریس روابط خویشاوندی  $A$  در مدل مخلوط استفاده شد. در خروجی نرم‌افزار، در یک ستون برآورد ارزش اصلاحی و در ستون دیگر

نشانه‌گرهای IRAP و REMAP انجام گرفت بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت طول برگ در ژنوتیپ P14L2 و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ P1L4 (Dialell-Karaj) مشاهده شد (Ghahramani & Darvishzadeh, 2021).

بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت عرض برگ تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون و SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های 1009370-3(100K) (۴/۰۲\*) و F1250/03 (۱/۲۳) و پایین‌ترین آن به ترتیب در ژنوتیپ‌های 703-CHLORINA (۲-) و SDR18 (۲/۱۵\*\*) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت عرض برگ با استفاده از نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های H100A/LC1064 (۲/۲۶) و 5DES20QR (۱/۶۵-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲). برای صفت عرض برگ بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی با استفاده از نشانه‌گرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های AS3232 (۰/۷۲) و 30 (ژنوتیپ ایرانی) (۰/۸۲-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴). بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت طول دمبرگ تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون و SSR در ژنوتیپ‌های NS-R5 (۱/۷۲) و SDR19 (۰/۷۷) و پایین‌ترین مقدار به ترتیب در ژنوتیپ‌های AS5305 (۱/۸۴-) و ASO-1-POP-A (۱/۰۲\*) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت طول دمبرگ با استفاده از نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون و SSR در ژنوتیپ 254-ENSAT به ترتیب با مقادیر (۱/۵۵\*\*) و (۰/۳۸) (جدول ۲، ۳ و ۴) و پایین‌ترین مقدار در ژنوتیپ‌های H156A/H543R و H209A/LC1064 به ترتیب با مقادیر (۱-) و (۰/۵۶\*) مشاهده شد (جدول ۲، ۳ و ۴).

بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت قطر ساقه تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون و SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های AS3232 (۲/۰۵\*\*) و AS3211 (۰/۵۳\*) و پایین‌ترین مقدار ارزش اصلاحی به ترتیب در ژنوتیپ‌های 9CSA3 (۰/۸۱) و SDR18 (۰/۴۷-) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت قطر ساقه با استفاده از نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۰/۶۰) و

خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت تعداد برگ با استفاده از نشانه‌گر مبتنی بر رتروترنسپوزون در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۴/۱۴\*) و PAC2 (۳/۳۲-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲). بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت تعداد برگ با استفاده از نشانه‌گرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های H158A/LC1064 (۱/۱۶) و NS-B5 (۲/۵۳\*\*) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴). تغییر در سطح برگ یا به عبارتی سطح تعرق با تغییر در ابعاد و تعداد برگ ممکن می‌گردد، که از مکانیسم‌های مقاومت به تنش خشکی محسوب می‌گردند (Akbari & Darvishzadeh, 2024). بر اساس نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون، تحت شرایط نرمال و تنش خشکی، ژنوتیپ (254-ENSAT) را به عنوان ژنوتیپی با ارزش اصلاحی بالا و ژنوتیپ PAC2 با پایین‌ترین ارزش اصلاحی معرفی شدند. بنابراین نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون جهت گزینش و معرفی ژنوتیپ‌های (با ارزش اصلاحی بالا برای تعداد برگ در مقایسه با نشانه‌گرهای SSR از کارایی مطلوبتری برخوردارند.

بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت طول برگ تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون و SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۳/۳۸) و 254-ENSAT (۱/۴۱) و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به ترتیب در ژنوتیپ‌های 703-CHLORINA (۲/۷۵-) و H156A/H543R (۲/۱۰\*\*) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت طول برگ با استفاده از نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۱/۹۹) و 5DES20QR (۲/۶۱\*) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲). بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت طول برگ با استفاده از نشانه‌گرهای SSR در ژنوتیپ‌های H100A/83HR4 (۰/۹۲) و 30 (ژنوتیپ ایرانی) (۰/۸۰-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴). تغییر در ابعاد برگ از مکانیسم‌های مقاومت به تنش خشکی است. شناسایی ژنوتیپ‌هایی با ارزش اصلاحی بالا برای این صفت حائز اهمیت است. در مطالعه حاضر ژنوتیپ 254-ENSAT با نشانه‌گرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون تحت هر دو شرایط نرمال و تنش خشکی و با نشانه‌گرهای SSR تحت شرایط نرمال ژنوتیپی با بالاترین ارزش اصلاحی شناسایی شد. در برآورد ارزش اصلاحی برای صفت طول برگ بین ۹۷ ژنوتیپ ذرت که با استفاده از

LC1064C (۰/۷۹-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴). در مطالعه مشابه که به منظور تخمین ارزش اصلاحی صفات مورفولوژیک مرتبط با عملکرد در ۷۳ لاین ذرت تحت شرایط نرمال و تنش شوری با استفاده از نشانگرهای SNP انجام گرفت برای صفت کلروفیل تحت شرایط نرمال ژنوتیپ ۲۳\*/۸۹ P19 L7 Kahriz (۱۰/۴۱\*) با ارزش اصلاحی بالا و ژنوتیپ P19 L7 Kahriz (۱۸/۹۴\*\*) با ارزش اصلاحی پایین و تحت شرایط تنش شوری، ژنوتیپ R59 (۵/۵۳) با ارزش اصلاحی بالا و ژنوتیپ P19 L7 Kahriz (۲۰/۰۱\*\*) با ارزش اصلاحی پایین معرفی شد (Afrouz et al., 2023).

بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت روز تا گل‌دهی تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون و SSR در ژنوتیپ‌های H049+FSB (۶/۰۹\*) و 254-ENSAT (۳/۲۴\*\*) مشاهده شد. پایین‌ترین مقدار ارزش اصلاحی در این شرایط برای این صفت (روز تا گل‌دهی) به ترتیب در ژنوتیپ‌های 8ASB2 (۸/۳۹\*) و H156A/H543R (۳/۶۹\*\*) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای این صفت (روز تا گل‌دهی) با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۶/۳۹\*) و 8ASB2 (۴/۰۶-) و با نشانگرهای SSR در ژنوتیپ‌های RT931 (۲/۲۴\*) و 1009370-1(100K) (۲/۰۳\*) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲ و ۴). بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت روز تا رسیدگی تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون و SSR در ژنوتیپ 254-ENSAT به ترتیب با مقادیر (۱۸/۹۵\*\*) و (۸/۷۱\*\*) مشاهده شد. پایین‌ترین مقدار ارزش اصلاحی برای این صفت در این شرایط به ترتیب در ژنوتیپ‌های NSF1-A4\*R5 (۱۱/۰۷\*\*) و RHA266 (۵/۳۱\*\*\*\*-) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت (روز تا رسیدگی) با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۱۱/۷۹\*\*\*\*) و AS3211 (۸/۳۷\*\*) (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲) و با استفاده از نشانگرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۴/۱۳\*\*) و 1009370-1(100K) (۳/۸۴\*\*) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴). با هر دو نشانگر تحت شرایط نرمال و تنش خشکی (محدودیت

H156A/H543R (۰/۵۱-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲). تحت این شرایط بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت قطر ساقه با استفاده از نشانگرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های AS3232 (۰/۰۶) و H156A/H543R (۰/۱۴-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴). با هر دو نشانگر تحت شرایط تنش خشکی، ژنوتیپ H156A/H543R به عنوان ژنوتیپی با پایین‌ترین ارزش اصلاحی شناسایی شد.

بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت قطر طبق تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۱/۷۷) و 9CSA3 (۴/۳۷\*) (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱) و با استفاده از نشانگرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های AS5306 (۱/۸۲\*) و H156A/H543R (۱/۵۷\*) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت قطر طبق با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های SDB2 (۰/۷۸) و H543R/H543R (۱/۷۰-) (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲) و با استفاده از نشانگرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های RHA858 (۰/۶۴) و H156A/H543R (۰/۸۰-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴). قطر طبق علاوه بر این که صفت مورفولوژیکی جهت گزینش ژنوتیپ‌های متحمل به تنش خشکی و شوری است (Ghaffari et al., 2012; Akbari & Darvishzadeh, 2024)، ارتباط مستقیمی با عملکرد در آفتابگردان دارد؛ بنابراین صفتی تاثیرگذار محسوب می‌شود (Darvishzadeh et al., 2011). بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت کلروفیل تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون و SSR به ترتیب با مقادیر (۵/۸۴\*\*) و (۱/۸۵\*) در ژنوتیپ H049+FSB مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای این صفت (کلروفیل) تحت شرایط نرمال به ترتیب در ژنوتیپ‌های PAC2 (۲/۹۰-) و H603R (۰/۸۸) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت کلروفیل با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 1009370-1(100K) (۲/۳۵) و PAC2 (۲/۴۴-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲). بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت کلروفیل با استفاده از نشانگرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های H209A/LC1064 (۰/۸۱) و



ژنوتیپ‌های PAC2 (\*\*۴/۵۹) و PM1-3 (\*\*۰/۹۳-) مشاهده شد. استفاده از بهترین پیش‌بینی خطی ناریب (BLUP) با استفاده از ماتریس خویشاوندی یا Kinship برای پیش‌گویی ارزش اصلاحی صفت محتوای نسبی آب بیشتر نیز گزارش شده است (Afrouz et al., 2023).

بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت محتوای روغن تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های F1250/03 (\*\*۴/۳۰) و H543R (\*\*۹/۶۱-) و بالاترین و پایین‌ترین مقدار ارزش اصلاحی تحت این شرایط برای این صفت با استفاده از نشانگرهای SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های H049+FSB (\*\*۳/۰۴) و HA335B (\*\*۴/۵۲-) مشاهده شد.

آبیاری، ژنوتیپ 254-ENSAT با بیشترین ارزش اصلاحی شناسایی شد. بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت محتوای نسبی آب برگ تحت شرایط نرمال با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون و SSR در ژنوتیپ‌های 110 (ژنوتیپ ایرانی) (۱/۴۴) و 28 (ژنوتیپ ایرانی) (۰/۹۳) و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به ترتیب در ژنوتیپ‌های LC1064C (۱/۱۲-) و 803-1 (۰/۸۲-) مشاهده شد (جدول ۲، فایل تکمیلی ۱ و ۳). تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای این صفت (محتوای نسبی آب) با استفاده از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های H156A/H543R (۵/۶۶) و 270-ENSAT (۳/۸۵-) و با استفاده از نشانگرهای SSR به ترتیب در

**جدول ۲.** برآورد ارزش اصلاحی صفات مورفولوژیک آفتابگردان دانه روغنی تحت شرایط نرمال با نشانگرهای میکروساتلیت و مبتنی بر رتروترانسپوزون

صفت	نشانگر	بالاترین ارزش اصلاحی	کد لاین	پایین‌ترین ارزش اصلاحی	کد لاین
طول برگ	Retrotransposon	3.38	254-ENSAT	-2.75	703-CHLORINA
Leaf length (cm)	SSR	1.41	254-ENSAT	-2.10**	H156A/H543R
عرض برگ	Retrotransposon	4.02*	1009370-3(100K)	-2	703-CHLORINA
Leaf width (cm)	SSR	1.23	F1250/03	-2.15**	SDR18
طول دم‌برگ	Retrotransposon	1.72	NS-R5	-1.84	AS5305
Petiole length (cm)	SSR	0.77	SDR19	-1.02*	ASO-1-POP-A
تعداد برگ	Retrotransposon	3.85*	254-ENSAT	-3.33	PAC2
Number of leaf	SSR	1.41	As3211	-2.18**	NS-R5
قطر ساقه	Retrotransposon	2.05**	AS3232	-0.81	9CSA3
Stem diameter (cm)	SSR	0.53*	As3211	-0.47	SDR18
قطر طبق	Retrotransposon	1.77	254-ENSAT	-4.37*	9CSA3
Head diameter (cm)	SSR	1.82*	AS5306	-1.57*	H156A/H543R
ارتفاع بوته	Retrotransposon	26.23*	254-ENSAT	-24.05	H100A/83HR4
Plant height (cm)	SSR	4.22	F1250/03	-10.30**	1009329.2(100K)
کلروفیل	Retrotransposon	5.84**	H049+FSB	-2.90	PAC2
Chlorophyll (SPAD)	SSR	1.85*	H049+FSB	-0.88	H603R
روز تا گلدهی	Retrotransposon	6.09*	H049+FSB	-8.39**	8ASB2
Number of days to flowering (day)	SSR	3.24**	254-ENSAT	-3.69**	H156A/H543R
روز تا رسیدگی	Retrotransposon	18.95**	254-ENSAT	-11.07**	NSF1-A4*R5
Number of days to maturity (day)	SSR	8.71**	254-ENSAT	-5.31****	RHA266
محتوای نسبی آب	Retrotransposon	1.44	Iran 110	-1.12	LC1064C
Relative water content; RWC (%)	SSR	0.93	Iran 28	-0.82	803-1
محتوای روغن دانه (درصد)	Retrotransposon	4.30	F1250/03	-9.61**	H543R
Seed oil content (%)	SSR	3.04***	H049+FSB	-4.52**	HA335B
عملکرد	Retrotransposon	20.54	254-ENSAT	-16.28	H543R/H543R
Yield (g)	SSR	15.47*	B454/03	-12.15	AS6305

\*، \*\*، و \*\*\* به ترتیب معنی‌دار در سطح ۰/۰۵، ۰/۰۱ و ۰/۰۰۱ درصد.

نشانه‌های مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 254-ENSAT (۲۰/۵۴) و H543R/H543R (۱۶/۲۸-) و با استفاده از نشانه‌های SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های B454/03 (۱۵/۴۷\*) و AS6305 (۱۲/۱۵-) مشاهده شد. بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت عملکرد تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری) با استفاده از نشانه‌های مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 36 (۷/۳۸) و NS-B5 (۶/۳۰-) (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲) و با استفاده از نشانه‌های SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های H049+FSB (۱/۲۲) و H156A/H543R (۱/۳۶-) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۴).

تحت شرایط تنش خشکی (محدودیت آبیاری)، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای این صفت (محتوای روغن) با استفاده از نشانه‌های مبتنی بر رتروترنسپوزون به ترتیب در ژنوتیپ‌های 110 (ژنوتیپ ایرانی) (۶/۲۳) و 283-ENSAT (۸/۷۳\*\*) و با استفاده از نشانه‌های SSR به ترتیب در ژنوتیپ‌های H049+FSB (۳/۳۱\*\*\*) و HA335B (۴/۷۶\*\*) مشاهده شد (جدول ۳، فایل تکمیلی ۲ و ۴). بنابراین نشانه‌های SSR در معرفی ژنوتیپ‌های با ارزش اصلاحی بالا و پایین برای محتوای روغن تحت هر دو شرایط کارآمدتر بوده است. بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت عملکرد تحت شرایط نرمال با استفاده از

### جدول ۳. برآورد ارزش اصلاحی صفات مورفولوژیک آفتابگردان دانه روغنی تحت شرایط تنش خشکی با نشانه‌های میکروساتلیت و مبتنی بر

#### رتروترنسپوزون

صفت	نشانه‌گر	بالاترین ارزش اصلاحی	لاین	کد لاین	پایین‌ترین ارزش اصلاحی	لاین	کد لاین
طول برگ	RETRO	1.99	254-ENSAT	8	-2.61*	5DES20QR	17
Leaf length (cm)	SSR	0.92	H100A/83HR4	1	-0.80	Iran 30	34
عرض برگ	RETRO	2.26	H100A/LC1064	14	-1.65	5DES20QR	17
Leaf width (cm)	SSR	0.72	AS3232	20	-0.82		34
طول دم‌برگ	RETRO	1.55**	254-ENSAT	8	-1	H209A/LC1064	2
Petiole length (cm)	SSR	0.38	254-ENSAT	8	-0.56*	H156A/H543R	76
تعداد برگ	RETRO	4.14*	254-ENSAT	8	-3.32	PAC2	16
Number of leaf	SSR	1.16	H158A/LC1064	75	-2.53**	NS-B5	54
قطر ساقه	RETRO	0.60	254-ENSAT	8	-0.51	H156A/H543R	76
Stem diameter (cm)	SSR	0.06	AS3232	20	-0.14	H156A/H543R	76
قطر طبق	RETRO	0.78	SDB2	74	-1.70	H543R/H543R	77
Head diameter (cm)	SSR	0.64	RHA858	5	-0.80	H156A/H543R	76
ارتفاع بوته	RETRO	13.44	15038	18	-16.84	H209A/83HR4	6
Plant height (cm)	SSR	3.06	F1250/03	35	-4.83	1009329.2(100K)	10
کلروفیل	RETRO	2.35	1009370-1(100K)	38	-2.44	PAC2	16
Chlorophyll (SPAD)	SSR	0.81	H209A/LC1064	2	-0.79	LC1064C	56
روزتا گلدهی	RETRO	6.39**	254-ENSAT	8	-4.06	8ASB2	21
Number of days to flowering	SSR	2.24*	RT931	52	-2.03*	1009370-1(100K)	38
روز تا رسیدگی	RETRO	11.79*****	254-ENSAT	8	-8.37**	As3211	7
Number of days to maturity (day)	SSR	4.13**	254-ENSAT	8	-3.84**	1009370-1(100K)	38
محتوای نسبی آب	RETRO	5.66	H156A/H543R	76	-3.85	270-ENSAT	11
Relative water content; RWC (%)	SSR	4.59	PAC2	16	-0.93	PM1-3	43
محتوای روغن دانه	RETRO	6.23	Iran 110	28	-8.73**	283-ENSAT	45
Seed oil content (%)	SSR	3.31***	H049+FSB	23	-4.76**	HA335B	48
عملکرد	RETRO	7.38	Iran 36	72	-6.30	NS-B5	54



















## نتیجه‌گیری

ژنوتیپ‌های ارزشمندی بوده و می‌توانند به عنوان والدین مطلوب برای اصلاح صفات در برنامه‌های به‌نژادی معرفی شوند. بر اساس نتایج این مطالعه نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون توانمند در معرفی ژنوتیپ‌های با ارزش اصلاحی بالا برای صفات تعداد برگ، طول برگ، طول دمبرگ و روز تا رسیدگی و نشانگرهای SSR توانمند در معرفی ژنوتیپ‌های با ارزش اصلاحی بالا برای صفات ارتفاع بوته، طول دمبرگ، روز تا رسیدگی و محتوای روغن بودند.

با توجه به مجموع رتبه‌های ارزش‌های اصلاحی در مجموع دو شرایط نرمال و تنش خشکی و با در نظر گرفتن کل صفات مورد مطالعه و هر دو نشانگر مولکولی میکروساتلیت و مبتنی بر رتروترانسپوزون به ترتیب ژنوتیپ‌های ۸، ۱۱ و ۳۵ از ارزش اصلاحی بالا برخوردار می‌باشند؛ بنابراین این ژنوتیپ‌ها با توجه به اینکه تحت هر دو شرایط نرمال و تنش و با هر دو نشانگر مولکولی در مجموع از ارزش اصلاحی بالا برخوردارند،

## References

- Abdi, N., Darvishzadeh, R., Jafari, M., Pirzad, A. & Haddadi, P. (2012). Genetic analysis and QTL mapping of agro-morphological traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.) under two contrasting water treatment conditions. *Plant Omics*, 5(2), 149-158. <https://hal.inrae.fr/hal-02642526>.
- Afrouz, G., Darvishzadeh, R., Alipour, H., Marcelo Soriano Viana, J. & Razi, M. (2021). Estimating breeding value of agrobiologic traits in maize (*Zea mays* L.) under normal and salinity stress conditions based on single nucleotide polymorphism (SNP) marker. *Cereal Research*, 11(1), (55-75). <https://doi:10.22124/cr.2021.19661.1669>.
- Afrouz, G., Darvishzadeh, R., Alipour, H., Marcelo Soriano Viana, J. & Akbari, N. (2023). Estimation of breeding value of seed related morpho-physiological traits in maize (*Zea mays* L.) under normal and salinity stress conditions based on SNP marker. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 54(1), (183-196). <https://doi:10.22059/ijfcs.2022.345118.654921>.
- Akbari, N. & Darvishzadeh, R. (2024). Identification of IRAP markers associated with agro-morphological traits in oil seed sunflower (*Helianthus annuus* L.) under normal and water limited conditions. *Cellular and Molecular Research (Iranian Journal of Biology)*, 36(4), 343-357. (in Persian). [https://cell.ijbio.ir/article\\_2166](https://cell.ijbio.ir/article_2166).
- Amiteye, S. (2021). Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding. *Heliyon*, 30;7(10): e08093. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e08093>.
- Asif Shehzada, M., Nawaza, F., Ahmadb, F., Ahmadc, N. & Masood, S. (2020). Protective effect of potassium and chitosan supply on growth, physiological processes and antioxidative machinery in sunflower (*Helianthus annuus* L.) under drought stress. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 187:109841. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.187:109841>.
- Basirmia, A., Darvishzadeh, R. & Abdollahi Mandoulakani, B. (2016). Retrotransposon insertional polymorphism in sunflower (*Helianthus annuus* L.) lines revealed by IRAP and REMAP markers. *Plant Biosystems*, 150(4), 641-652. <https://doi.org/10.1080/11263504.2014.970595>.
- Bernardo, R. (2020). Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. *Heredity*, 125, 375-385 <https://doi.org/10.1038/s41437-020-0312-1>.
- Bernardo, R. & Yu, J. (2007). Prospects for genome wide selection for quantitative traits in maize. *Crop Science*, 47(3), 1082-1090.
- Darvishzadeh, R., Maleki, H.H. & Sarrafi, A. (2011). Path analysis of the relationships between yield and some related traits in diallel population of sunflower (*Helianthus annuus* L.) under well-watered and water-stressed conditions. *Australian Journal of Crop Science*, 5(6), 674-680.
- Doyle, J.J. & Doyle, J.L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12(1), 13-15.
- Falconer, D.S. & Mackay, T.F.C. (1996). Introduction to quantitative genetics. 4th Edition. Addison Wesley Longman, Harlow, Essex, UK: Longmans Green, 3.
- Foulley, J.L. (2015). Mixed Model Methodology. Part I: Linear Mixed Models. *Technical Report*, e-print: <https://doi:10.13140/2.1.3072.0320>.

- Ghaffari, M., Toorchi, M., Valizadeh, M. & Shakiba, M.R. (2012). Morpho-physiological screening of sunflower inbred lines under drought stress condition. *Turkish Journal of Field Crops*, 17(2), 185-190.
- Ghahramani, S. & Darvishzadeh, R. (2021). Estimating Breeding Value of Agro-biological Traits in Maize Using IRAP and REMAP Markers. *Crop Biotechnology*, 11(2), 33-48. DOI: 10.30473/CB.2022.62429.1865. <https://doi.org/10.30473/CB.2022.62429.1865>.
- Gbadegesin, M.A. & Beeching, J.R. (2010). Enhancer/Suppressor mutator (En/Spm)-like transposable elements of cassava (*Manihot esculenta*) are transcriptionally inactive. *Genetics and Molecular Research*, 9(2), 639-650. <https://doi.org/10.4238/vol9-2gmr713>.
- Grnt, O.M. (2012). Understanding and exploiting the impact of drought stress on plant physiology. In: Abiotic stress Responses in plants. Springer, New York, 89-104. [https://doi.org/10.1007/978-1-4614-0634-1\\_5](https://doi.org/10.1007/978-1-4614-0634-1_5).
- Henderson, C.R. (1990). Statistical methods in animal improvement: historical overview. In Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock. Part of the Advanced Series in Agricultural Sciences book series. 18, 2-14. Springer, Berlin, Heidelberg.
- Jannink, J.L., Lorenz, A.J. & Iwata, H. (2010). Genomic selection in plant breeding: from theory to practice. *Briefings in Functional Genomics*, 9(2), 166-177. <https://doi.org/10.1093/bfgp/elq001>.
- Kalendar, R., Flavell, A.J., Ellis, T.H.N., Sjakste, T., Moisy, C. & Schulman, A.H. (2011). Analysis of plant diversity with retrotransposon-based molecular markers. *Heredity*, (Edinb) 106, 520-530. <https://doi.org/10.1038/hdy.2010.93>.
- König, S, Simianer, H. & Willam, A (2009). Economic evaluation of genomic breeding programs. *Journal of Dairy Science*, 92, 382-391. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1310>.
- Meuwissen, T.H.E, Hayes, B.J. & Goddard, M.E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819-1829. <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>.
- Meuwissen, T. & Goddard, M. (2010). Accurate prediction of genetic values for complex traits by whole-genome resequencing. *Genetics*, 185(2), 623-631. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.116590>.
- Muhammad Samran Gul, R., Sajid, M., Rauf, S., Munir, H., Shehzad, M. & Waseem, H. (2021). Evaluation of drought-tolerant sunflower (*Helianthus annuus* L.) hybrids in autumn and spring planting under semi-arid rainfed conditions. 28:24. Oilseeds and fats, Crops and Lipids Published by EDP Sciences, <https://doi.org/10.1051/ocl/2021012>.
- Patterson, H.D. & Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58(3), 545-554. <https://doi.org/10.2307/2334389>.
- Piepho, H.P. (2009). Ridge regression and extensions for genomewide selection in maize. *Crop Science*, 49(4), 1165-1176. <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.10.0595>.
- Rauf, S. (2019). Breeding strategies for sunflower (*Helianthus annuus* L.) Genetic improvement. In: Al-Khayri, J.M., Jain, S.M., and Johnson, D.V. (Eds.), Advances in Plant Breeding Strategies: *Industrial and Food Crops*, 637-673.
- Razi, M., Darvishzadeh, R., Doulati Baneh, H., Amiri, M. E., & Martinez-Gomez, P. (2020). Estimating the breeding value of some pomological traits in grape cultivars of West Azarbaijan using ISSR markers. *Research in Pomology*, 5(1), 126-138.
- Roudbari, Z., Mohammadi-Nejad, G. & Shahsavand-Hassani, H. (2017). Field screening of primary and secondary tritipyrum genotypes using selection indices based on blup under saline and normal conditions. *Crop Science*, 57(3), 1495-1503. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.09.0789>.
- Saatchi, M., Miraei-Ashtiani, S.R., Nejati Javaremi, A., Moradi-Shahrehabak, M. & Mehrabani-Yeghaneh, H. (2010). The impact of information quantity and strength of relationship between training set and validation set on accuracy of genomic estimated breeding values. *African Journal of Biotechnology*, 9 (4): 438-442, <http://www.academicjournals.org/AJB>
- Sahranavard-Azartamar, F., Ghadimzadeh, M. & Darvishzadeh, R. (2016). Genetic diversity and structure analysis of oily sunflower (*Helianthus annuus* L.) based on microsatellit markers. *Plant Genetic Researches*, 2(2), 15-32. <http://doi.org/10.29252/pgr.2.2.15>.
- Saint Pierr, C., Crossa, J.L., Bonnett, D., Yamaguchi-Shinozaki, whetK. & Reynolds, M.P. (2012). Phenotyping transgenic wheat for drought resistance. *Journal of Expeimental Botany*, 63(5), 1799-1808. <http://doi.org/10.1093/jxb/err385>.
- Schaeffer, L.R. (2006). Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 123, 218-223. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2006.00595.x>.
- Shi, H., Wu, Y., Yi, L., Hu, H., Su, F., Wang, Y., Li, D. & Hou, J. (2023). Analysis of QTL

- mapping for germination and seedling response to drought stress in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Peer J*, 3.11: e15275, <http://doi.org/10.7717/peerj.15275>.
- Sinha, D., Maurya, A.K., Abdi, G., Majeed, M., Agarwal, R., Mukherjee, R., Ganguly, S., Aziz, R., Bhatia, M., Majgaonkar, A., Seal, S., Das, M., Banerjee, S., Chowdhury, S., Adeyemi, S.B. & Chen, J.T. (2023). Integrated Genomic Selection for Accelerating Breeding Programs of Climate-Smart Cereals. *Genes*. 14(7), 1484, <https://doi.org/10.3390/genes14071484>.
- Tahmasbali, M., Darvishzadeh, R. & Fayaz Moghaddam, A. (2020). Estimating Breeding Value of Agronomic Traits in Oriental Tobacco Genotypes under Broomrape Stress and Normal Conditions. *Plant Genetic Researches*, 7(1), 103-126. <https://doi.org/10.52547/pgr.7.1.7>.
- Tolk, J.A. & Howell, T.A. (2012). Sunflower water productivity in four Great Plains soils. *Field Crops Research*, 127, 120-128. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2011.11.012>.
- Yang, R.-C. 2010. Towards understanding and use of mixed-model analysis of agricultural experiments. *Canadian Journal of Plant Science* 90, 605-627.