

«مقاله پژوهشی»

برآورد ارزش اصلاحی صفات زراعی ذرت با استفاده از نشانگرهای IRAP و REMAP

سحر قهرمانی^۱، رضا درویش‌زاده^{۲*}

۱. دانشجوی کارشناسی‌ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران.

۲. استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران.

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۸/۱۶ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۲/۲)

Estimating Breeding Value of Agro-biological Traits in Maize Using IRAP and REMAP Markers

Sahar Ghahramani¹, Reza Darvishzadeh^{2*}

1. M.Sc. Student in Agricultural Biotechnology, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

2. Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

(Received: Dec. 7, 2021 - Accepted: Feb. 21, 2022)

Abstract

Maize is the third most important cereal after wheat and rice in the world and is a major seed source for many people in Africa, Latin America and Asia. Knowledge on function and extent of genes effect is one of the necessities to achieve high yielding cultivars. In this regard, molecular marker technology has eliminated the need to know the pedigree of genotypes for estimating the kinship matrix to evaluate genotypes breeding values. In this research, 97 genotypes of maize were evaluated in a randomized complete block design (RCBD) with 6 replications for agronomical traits. In the molecular experiment, the molecular profiles of the genotypes were prepared with 8 Inter-retro transposon amplified polymorphism (IRAP) and Retro transposon-microsatellite amplified polymorphism (REMA) primers. Estimation the breeding value of studied traits in maize genotypes was done through the best linear unbiased prediction (BLUP) in the mixed linear model framework by integrating molecular data based calculated kinship matrix. Considering the sum of estimated breeding values ranks for the studied traits, genotypes P3L11, P10L9, P9L6, P19L5 Kahia and OH43/1042 (Paternal) had the highest ranks. Positive breeding value shows that these genotypes have the greatest potential in transmitting the value of traits to the next generation. Genotype P14L2 with positive and high breeding value for leaf length, leaf area, cob weight and leaf area index and P16L6 Kahia with positive and high breeding value for plant height to cob height, cob length and grain weight in the plant, can be introduced as desirable parents to improve these traits in maize breeding programs.

Keywords: Breeding value, best linear unbiased prediction, maize, quantitative traits, retrotransposon-based molecular markers.

چکیده

ذرت بعد از گندم و برنج جزو سومین غله مهم در سراسر جهان بوده و یک دانه اصلی برای بسیاری از مردمان در آفریقا، آمریکای لاتین و آسیا به حساب می‌آید. اطلاع از نحوه عمل و میزان اثر ژن‌ها یکی از ضرورت‌ها جهت دستیابی به ارقام با بازدهی بالاست. در این راستا فن‌آوری نشانگرهای مولکولی نیاز به اطلاع از شجره ژنوتیپ‌ها جهت برآورد ماتریس خویشاوندی لازم برای برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنوتیپ‌ها را برطرف نموده است. در این پژوهش، تعداد ۹۷ ژنوتیپ ذرت در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با شش تکرار به لحاظ ۱۷ صفات مختلف زراعی ارزیابی شدند. در آزمایش مولکولی، پروفیل مولکولی ژنوتیپ‌ها با استفاده از ۸ ترکیب آغازگری "چندشکلی در تکثیر بین رتروترانسپوزون‌ها" (IRAP) و "چندشکلی در تکثیر بین ریزماهاواره و رتروترانسپوزون" (REMAP) تهیه شد. ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌ها در ارتباط با هر یک از صفات مورد مطالعه به روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) در قالب مدل خطی مخلوط (MLM) با بهره‌مندی از ماتریس خویشاوندی یا Kinship محاسبه شده بر اساس داده‌های مولکولی، برآورد شد. با در نظر گرفتن مجموع ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های P3L11، P10L9، P9L6، P19L5 Kahia و OH43/1042 (Paternal) بالاترین رتبه را داشتند. ارزش اصلاحی مثبت نشان می‌دهد این ژنوتیپ‌ها بیش‌ترین توان در انتقال ارزش صفات به نسل بعد را دارند. ژنوتیپ P14L2 با دارا بودن ارزش اصلاحی مثبت و بالا برای صفات طول برگ، نسبت سطح برگ، وزن چوب‌بلال و شاخص سطح برگ و ژنوتیپ P16L6 Kahia با داشتن ارزش اصلاحی مثبت و بالا برای صفات ارتفاع بوته تا بلال، طول چوب‌بلال و وزن دانه در بوته می‌توانند به‌عنوان والدین مطلوب برای اصلاح این صفات در برنامه‌های به‌نژادی ذرت معرفی شوند.

واژه‌های کلیدی: ارزش اصلاحی، بهترین پیش‌بینی ناریب خطی،

صفات کمی، ذرت، نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون

مقدمه

ذرت با نام علمی *Zea mays* L. از نظر گیاه‌شناسی یک گیاه یک‌ساله، دیپلوئید ($2n=2x=20$)، و متعلق به خانواده گندمیان می‌باشد. این گیاه، بعد از گندم و برنج جزو سومین غله مهم در سراسر جهان بوده و یک دانه اصلی برای بسیاری از مردمان در آفریقا، آمریکای لاتین و آسیا به حساب می‌آید. با توجه به ارزش غذایی و استفاده از محصولات اصلی و جانبی، از آن به‌عنوان غله آینده یاد می‌شود. ذرت از جمله محصولاتی است که کم و بیش در هر قاره کشت می‌شود. تولید جهانی ذرت در سال‌های اخیر به‌طور چشم‌گیری افزایش یافته است (Ahmad et al., 2020). دانه ذرت حدوداً حاوی ۴ درصد لیپید، ۱۲-۶/۸ درصد پروتئین و ۷۲-۷۴ درصد کربوهیدرات و هم‌چنین حاوی عناصر درشت و ریز مغذی مانند کلسیم، فسفر، آهن، سدیم، پتاسیم، روی، مس، منیزیم و منگنز می‌باشد (Nuss et al., 2010). از مهم‌ترین اهداف به‌نژادی ذرت می‌توان به افزایش تولید و بهبود کیفیت در قالب توسعه ارقام هیبرید اشاره کرد (Hoxha et al., 2004).

با گسترش فن‌آوری نشانگرهای مولکولی، ثبت ژنوتیپی^۱ و کالبدشکافی دقیق ساختار ژنتیک صفات کمی میسر شده است. از نشانگرهای مطرح در این حوزه، نشانگرهای مولکولی بر پایه رتروترانسپوزون‌ها است. از این نشانگرها به‌صورت وسیع در مطالعات ژنتیکی گیاهان استفاده می‌شود (Semagn et al., 2010). رتروترانسپوزون‌ها عناصر ژنتیکی متحرکی هستند که در گیاهان در تعداد کپی‌های بالا وجود دارند و فعالیت رونویسی به نسبت بالایی نشان می‌دهند. این نشانگرها در ژنوم توزیع پراکنده دارند و تنوع ساختاری به نسبت زیادی نشان می‌دهند. این عوامل سبب می‌شود تا رتروترانسپوزون‌ها منبع عالی

برای توسعه نشانگرهای مولکولی در گیاهان باشند. از انواع نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون‌ها می‌توان به تجزیه و تحلیل چندشکلی در تکثیر بین ریزماهواره و رتروترانسپوزون^۲ (REMAP) و تجزیه و تحلیل پلی‌مورفیسم در تکثیر بین رتروترانسپوزون‌ها^۳ (IRAP) اشاره کرد؛ که در مطالعات تنوع ژنتیکی روی گونه‌های مختلف گیاهی از جمله ذرت استفاده می‌شوند (Khalifani et al., 2021). نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون برای تشخیص چندشکلی‌ها به PCR متکی می‌باشند (Kuhn et al., 2014).

اطلاع از نحوه عمل و میزان اثر ژن‌ها یکی از ضرورت‌ها جهت دستیابی به ژنوتیپ‌ها با بازدهی بالاست. اثرات ژنی در مکان‌های ژنی به‌صورت افزایشی (ارزش اصلاحی) یا غیر افزایشی (غالبیت و اپیستازی) دیده می‌شوند. اثرات افزایشی (ارزش اصلاحی) در حقیقت مجموع اثرات جداگانه آلل‌ها در مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات بوده؛ به این دلیل گزینش برای این اثرات مطمئن‌تر و موفق‌تر از گزینش برای دیگر اثرات ژنی است (Farshadfar, 1998). به‌طور معمول مخصوصاً در اصلاح نژاد دام، برآورد ارزش‌های اصلاحی توسط بهترین پیش‌بینی ناریب خطی^۴ (BLUP) و بر اساس شجره افراد در نرم‌افزارهایی مانند Wombat انجام می‌شود (Meyer, 2007). در این نرم‌افزارها بر اساس اطلاعات خویشاوندان در یک ماتریس ارتباط افزایشی به نام A (ماتریس ضرایب هم‌خونی)، پیش‌بینی‌های ارزش‌های اصلاحی در قالب مدل خطی مخلوط انجام می‌شوند. در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی می‌توان به‌جای ماتریس ارتباط افزایشی (A)، از ماتریس شباهت‌های ژنتیکی (K) که با استفاده از نشانگرهای مولکولی محاسبه می‌شود

2. Retro transposon-microsatellite amplified polymorphism
3. Inter-retro transposon amplified polymorphism
4. Best linear unbiased prediction

1. Genotyping

دارای بالاترین میزان ارزش اصلاحی بوده و لذا می‌توان از این ارقام به‌عنوان والد مناسب برای اصلاح صفات در برنامه‌های تلاقی انگور استفاده کرد. ارزش اصلاحی ۲۸ ژنوتیپ هلو با استفاده از روش BLUP پیش‌بینی گردید (De Souza *et al.*, 2000). برآورد ارزش اصلاحی صفات جهت‌گزینش والدین در پروژه‌های تولید لاین‌های خالص مهم است. والدینی که بدین طریق انتخاب می‌گردند جهت ایجاد جمعیت‌های جدید اصلاحی مفید خواهند بود. در این مطالعه ارزش اصلاحی ۱۷ صفت زراعی در ذرت با بهره‌مندی از نشانگرهای مولکولی مبتنی بر ترانزسپوزون از طریق بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) برآورد شده است.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و ارزیابی فنوتیپی

واکنش فنوتیپی ۹۷ ژنوتیپ ذرت در فضای باز در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه ارومیه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با شش تکرار در گلدان‌هایی با ارتفاع ۲۶ سانتی‌متر و قطر دهانه ۳۰ سانتی‌متر ارزیابی شد. ژنوتیپ‌ها از دانشگاه رازی کرمانشاه، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خراسان رضوی و مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شدند (جدول ۱). با توجه به اینکه احتمال می‌رفت اندازه‌گیری صفات برای یک صفت در یک روز به‌طور کامل تمام نشود لذا بلوک‌بندی انجام شد تا بتوان بلوک به بلوک اندازه‌گیری صفات را انجام داد. در حقیقت استفاده از طرح بلوک‌های کامل عمدتاً به خاطر تقسیم کار بوده است. فاصله گلدان‌ها روی ردیف‌ها ۴۰ سانتی‌متر و بین ردیف‌ها ۶۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. آبیاری گلدان‌ها توسط سیستم نواری-قطره‌ای انجام گرفت.

استفاده نمود (Bauer *et al.*, 2006). BLUP همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی واقعی و مقادیر ژنتیکی پیش‌بینی‌شده را به حداکثر می‌رساند که هدف اصلی به‌نژادگران است (Searle *et al.*, 2009). امروزه استفاده از این روش در اصلاح دام و درختان جنگلی، هم‌چنین گیاهان یک‌ساله برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی رو به افزایش است (Tahmasbali *et al.*, 2020; Razi *et al.*, 2020, 2021). با برآورد ارزش‌های اصلاحی، گزینش افراد (گیاهان) بر مبنای این ارزش‌ها انجام می‌گیرد (Bernardo, 1994). برآورد ارزش اصلاحی افراد با کمک نشانگر نسبت به روش‌های مبتنی بر فنوتیپ و شجره صحت بیش‌تری دارد و می‌توان انتخاب را در هر سنی از گیاه انجام داد و فاصله نسل‌ها و طول دوره اصلاحی را کاهش داد (Meuwissen and Goddard, 2010).

گزارش‌ها و مطالعاتی هر چند محدود در زمینه برآورد ارزش اصلاحی با استفاده از نشانگرهای مولکولی ارائه شده است. در تحقیقی به‌منظور ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی در ۹۴ ژنوتیپ گندم دوروم از نشانگرهای IRAP و REMAP استفاده شد (Marzang *et al.*, 2020). در پژوهشی ارزش‌های اصلاحی لاین‌های *Tritipyrum* ثانویه ایرانی تحت تنش شوری به روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) برآورد شد (Roudbari *et al.*, 2017). Oliveira و همکاران (۲۰۱۶) برای شناسایی والدین مناسب برای تلاقی در برنامه‌های اصلاحی ذرت از تجزیه دیال و روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) استفاده کردند. در پژوهشی تخمین ارزش اصلاحی صفات پومولوژیک (صفات مرتبط با میوه) در رقم انگور با استفاده از نشانگرهای مولکولی REMAP و روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) انجام گرفت (Razi *et al.*, 2021). نتایج نشان داد که یک‌سری از ارقام از لحاظ برخی صفات

ابتدای چوب‌بلال (سانتی‌متر)، قطر وسط چوب‌بلال (سانتی‌متر)، طول چوب‌بلال (سانتی‌متر)، وزن خشک بوته (گرم)، تاریخ ظهور گل نر (روز)، تاریخ ظهور بلال اول (روز) و تاریخ ظهور بلال دوم (روز) در هر یک از تکرارهای ۹۷ ژنوتیپ ذرت اندازه‌گیری شدند. لازم به ذکر است که اندازه‌گیری‌های مربوط به برگ از بالا به پایین در برگ با توسعه کامل در قسمت میانی بوته انجام شد.

کوددهی در تمامی دوره رشد رویشی گیاه توسط کود ۲۰-۲۰-۲۰ انجام گرفت. بعد از تاسل‌دهی صفات ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، ارتفاع بوته تا بلال (سانتی‌متر)، طول برگ (سانتی‌متر)، عرض برگ (سانتی‌متر)، نسبت سطح برگ (طول برگ × عرض برگ × ۰/۷۵)، شاخص سطح برگ (سطح برگ‌های گیاه (متر مربع) تقسیم بر سطح زمین اشغال شده توسط بوته (متر مربع))، تعداد بلال، میزان کلروفیل (SPAD)، وزن دانه در بوته (گرم)، وزن چوب‌بلال (گرم)، قطر

جدول ۱. لیست ژنوتیپ‌های مورد استفاده در پژوهش

نام ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	کد ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	کد ژنوتیپ
52*Sweet	۸۵	16* /89	۴۳	Tenptato (White- First class)	۱
Popcorn-53 or 54 (Linear)	۸۶	115*13981 (White cob corn)	۴۴	K1263-1388	۲
W37a	۸۷	138* /89	۴۵	36-N/M-K3653/2	۳
KS13	۸۸	K19* /1392 (Isolate)	۴۶	89-4*	۴
R319	۸۹	P13L2	۴۷	9/ K1911	۵
R59 (Paternal)	۹۰	P19L17 Kahia	۴۸	74* /1388	۶
W153R	۹۱	P15L16	۴۹	8/ K1911	۷
K1533 Popcorn	۹۲	P6L1	۵۰	25* /89	۸
R59*R (Double cross- maternal)	۹۳	P3L2	۵۱	K1264 /1	۹
B73(RFC or CMS)	۹۴	P14L1 Kahia	۵۲	48*1390	۱۰
1264/ 1	۹۵	P19I3	۵۳	13/ K19/1	۱۱
MO17	۹۶	P9L3 Kahia	۵۴	11K1910	۱۲
ZK472221	۹۷	P15 L16 Kahia	۵۵	5/ K1911	۱۳
		P11L7	۵۶	4/ K1911	۱۴
		P14L2	۵۷	7/ K1911	۱۵
		P14L2	۵۸	6/ K19/1	۱۶
		P10L5	۵۹	2K1911	۱۷
		P16L6 Kahia	۶۰	55-N- K3640/ S	۱۸
		P16L4 Kahia	۶۱	43*89 (Red cob corn)	۱۹
		P15L4	۶۲	172* /89	۲۰
		P1L4 (Dialell- Karaj)	۶۳	67* /88	۲۱
		P11L6	۶۴	23*89	۲۲
		P9L6	۶۵	10/ K 19/1	۲۳
		P13L3	۶۶	1* /89 (Red cob corn)	۲۴
		P3L11	۶۷	34* /1399	۲۵
		P3L1	۶۸	20*1399	۲۶
		P10L7	۶۹	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	۲۷
		P16L12 Kahia	۷۰	K19/1	۲۸
		P1L15 Kahia	۷۱	K166 B /89	۲۹
		P19L5 Kahia	۷۲	163* /6/15	۳۰
		P10L9	۷۳	KE70012/ 1-12 -1388	۳۱
		K615/1	۷۴	A679/420N89	۳۲
		OH43/1-42	۷۵	K18-B /1392 (Indonesia-Colombia)	۳۳
		K12264/ 5-1	۷۶	66*1388	۳۴
		R=59	۷۷	70*1388	۳۵
		K615/1	۷۸	14* /89	۳۶
		B73	۷۹	6* /88	۳۷
		OH43/1042 (Paternal)	۸۰	3K19/1	۳۸
		R59 (Paternal)	۸۱	K1263/1 (Sterilized)	۳۹
		Super sweet-1387 Basin	۸۲	1387/193/Chase*	۴۰
		Challenged 1389/st	۸۳	K615/1	۴۱
		Sweet white/ 1390	۸۴	39* /89 (Sibcer)	۴۲

ارزیابی ژنوتیپی

تیوپ قرار گرفت. واکنش با استفاده از دستگاه ترموسایکلر (Applied Biosystem) انجام شد. ابتدا واکنش تکثیر در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد و به مدت چهار دقیقه جهت شروع واسرشت سازی اولیه DNA انجام شد، سپس فرآیند تکثیر ۳۶ چرخه شامل: ۳۰ ثانیه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۳۰ ثانیه در ۵۵-۳۵ درجه سانتی‌گراد (بسته به ترکیب آغازگری)، دو دقیقه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد و بسط نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه در دستگاه ترموسایکلر ABI (Applied Biosystem) ادامه یافت. محصولات بر روی ژل آگارز ۱/۷ درصد و بافر TBE 0.5X (Tris) جهت (base- Boric acid- EDTA) الکتروفورز شدند. جهت مشاهده باندها از اتیدیوم بروماید و اشعه UV استفاده شد. الگوی باندهای قطعات تکثیر شده بر اساس وجود یا عدم وجود باند در نمونه‌ها، به ترتیب به صورت یک و صفر امتیاز دهی شدند. تعداد و درصد مکان‌های چند شکل توسط نرم‌افزار PopGen محاسبه شد.

تجزیه داده‌ها

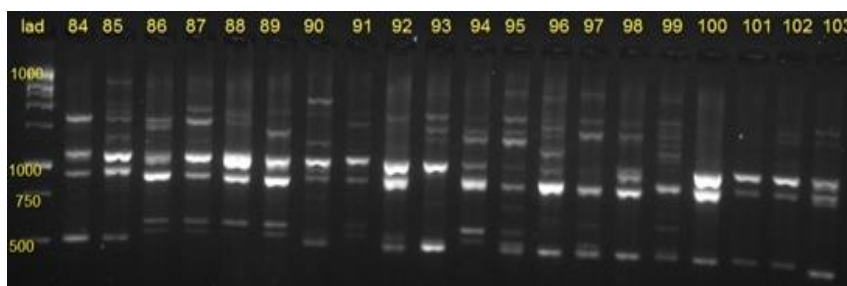
تجزیه واریانس و برآورد میانگین صفات در قالب مدل آماری طرح بلوک‌های کامل تصادفی در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام گرفت. پیش‌گویی ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌ها در ارتباط با هر یک از صفات آگروبیولوژیک مورد مطالعه به روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) در قالب مدل خطی مخلوط در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام گرفت (Bernardo, 2010).

زمانی که گیاهان به مرحله چهار برگی رسیدند از هر تکرار ژنوتیپ‌ها یک نمونه برگی تهیه و با هم مخلوط شده و در فریزر با دمای ۸۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. استخراج DNA نمونه‌های برگی به روش Cetyl Trimethyl Ammonium (CTAB) (Murray et al., 1980) انجام گرفت. ارزیابی کمیت و کیفیت DNA استخراج شده به ترتیب توسط اسپکتروفتومتری با طول موج ۲۶۰ نانومتر و الکتروفورز ژل آگارز یک درصد انجام گرفت. در این مطالعه به منظور ارزیابی ژنتیکی ژنوتیپ‌ها در مرحله اول تعداد زیادی از آغازگرهای نشانگرهای مربوطه بر روی پنج نمونه (انتخاب شده به طور تصادفی) بررسی گردید و برای مطالعات بعدی آغازگرهایی انتخاب شدند که ضمن تولید باندهای پلی‌مورف، باندهایی با وضوح بالا تولید می‌کردند؛ لذا ارزیابی ژنتیکی ژنوتیپ‌ها با تعداد هشت آغازگر رتروترانسپوزونی (شش ترکیب آغازگری IRAP و دو ترکیب آغازگری REMAP) از میان ۴۵ ترکیب آغازگر IRAP و ۱۰ ترکیب REMAP بر اساس مطالعات Kuhn و همکاران (۲۰۱۴) انجام شد (جدول ۲).

جهت انجام واکنش PCR، ۰/۵ میکرولیتر dNTP (۲۵mM)، ۰/۸ میکرولیتر MgCl₂ (۵۰mM)، ۲ میکرولیتر بافر PCR (۱۰X)، یک میکرولیتر از هر کدام از آغازگرها با غلظت ۱۰ میکرومولار، ۰/۲۲ واحد آنزیم Taq DNA Polymerase، ۱۱/۵۸ میکرولیتر آب دو بار تقطیر شده و ۲۵ نانوگرم DNA ژنومی در داخل

جدول ۲. مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در بررسی تنوع ژنتیکی ذرت با نشانگرهای IRAP و REMAP

نام آغازگر	دمای اتصال	آغازگر پیشرو (۵'→۳')	آغازگر معکوس (۵'→۳')
GIEPUM	60	TGTGAATCATCTAGGCCCTTTGGT	-
Hearbreaker	56	TTCAGCTTTTTTCTGACCAGCTTT	-
Pangranga	59	CGATGATTTTTGGTGAATCGGCCAA	-
Ac/Ds	59	AGGGATGAAAGTAGGATGGGAAAAT	-
Misfit	58	CACTAGTAGAAAAGAGCTCAAAGCC	-
Huck×Ozymandias	60	TCGGGGACCATAATTAGGGGTACCC	TGGGGCGAAGGCAAAGACGCCACCC
Ruda×UBC878	53	GCTAATTGAGTTTTGGTGTGTTGATG	GGATGATGGATGGA
Misfit×UBC817	53	CACTAGTAGAAAAGAGCTCAAAGCC	(CA)8A



شکل ۲. تصویر ژل مربوط به الکتروفورز تعدادی از ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از نشانگر Heartbreaker. Figure 2. Electrophoresis gel image of a number of maize genotypes using Heartbreaker marker.

اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها یکسان باشد. اما اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها متفاوت باشد؛ r یک ماتریس $n \times n$ (n: تعداد مشاهدات) با عناصر خارج قطری صفر و عناصر روی قطر برابر عکس تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها است (Bernardo, 2010). V_g و V_e به ترتیب واریانس ژنتیکی و واریانس باقی‌مانده هستند. برای انجام محاسبات (برآورد ارزش‌های اصلاحی صفات)؛ از ارزش صفات ژنوتیپ‌های مورد بررسی و ماتریس خویشاوندی یا Kinship بین ژنوتیپ‌ها که با استفاده از داده‌های مولکولی نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون در نرم‌افزار TASSEL محاسبه می‌شود، استفاده شد. در برآوردها از دو برابر ماتریس Kinship به جای ماتریس روابط خویشاوندی (A) در مدل مخلوط استفاده می‌شود. آزمون برابری برآورد ارزش‌های اصلاحی با صفر با آماره t انجام گرفت. کلیه محاسبات مربوط به ارزش اصلاحی در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام گرفت. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ارزش‌های اصلاحی و همچنین ارزش فنوتیپی صفات به روش حداقل واریانس Ward در نرم‌افزار R انجام شد. برای تعیین تعداد خوشه‌ها از روش گسیختگی بر اساس تغییر ناگهانی در اختلاف دو فاصله ادغام متوالی استفاده شد (Sadeghi and Rahimi, 2017) و صحت آنها با تابع تشخیص مورد ارزیابی قرار گرفت و در نهایت تعداد خوشه مناسب تعیین گردید.

نتایج و بحث

با ۸ ترکیب آغازگری IRAP و REMAP، در کل ۴۰

مدل خطی مخلوط برای برآورد ارزش‌های اصلاحی به صورت زیر است:

$$Y = Xb + Zu + e$$

که در آن Y بردار مشاهدات، b و u به ترتیب بردارهای اثرات ثابت و تصادفی، X و Z به ترتیب، ماتریس‌های تلاقی و e بردار باقی‌مانده تصادفی هستند. فرض می‌شود توزیع اثرات تصادفی به صورت $u \sim MVN(0, G)$ و $e \sim MVN(0; R)$ است که در آن $MVN(m, V)$ توزیع نرمال چند متغیره با بردار میانگین m و ماتریس واریانس-کوواریانس V می‌باشد (Piepho *et al.*, 2008). اثرات ثابت توسط بهترین برآورد نارایب خطی (BLUE) و اثرات تصادفی از طریق بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP) برآورد می‌شوند. اجزای واریانس (R و G) عموماً با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML) برآورد می‌شوند (Patterson *et al.*, 1971). معادلات مدل مخلوط (MME) (Henderson, 1990) برای برآورد اثرات ثابت و تصادفی با در نظر گرفتن تعداد متفاوت تکرار ژنوتیپ‌ها (Bernardo, 2010) به صورت زیر می‌باشد:

$$\begin{bmatrix} x'R^{-1}x & x'R^{-1}z \\ z'R^{-1}x & z'R^{-1}z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x'R^{-1}y \\ z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

$$G^{-1} = A^{-1} \begin{pmatrix} V_e \\ V_g \end{pmatrix}$$

که در آن؛ A یک ماتریس $t \times t$ (t: تعداد ژنوتیپ) ضرایب خویشاوندی است که درجه کوواریانس ژنتیکی بین افراد را نشان می‌دهد. r یک ماتریس واحد است؛

(Ehteshami *et al.*, 2013). برای صفت ارتفاع بوته تا بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P16L6 Kahia و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 8/ K1911 مشاهده شد. برای صفت طول برگ، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P14L2 و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P1L4 (Dialell- Karaj) دیده شد. در رابطه با صفت عرض برگ، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به ترتیب در ژنوتیپ‌های P10L9 Kahia و P9L3 مشاهده شد. با توجه به اینکه با افزایش طول برگ و عرض برگ، سطح فتوسنتز افزایش می‌یابد لذا ارزش اصلاحی بالا برای این صفات می‌تواند در فعالیت‌های اصلاحی ذرت تأثیر مثبتی بر عملکرد داشته باشد. در رابطه با صفت نسبت سطح برگ، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P14L2 و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P1L4 (Dialell- Karaj) مشاهده شد. ژنوتیپ‌هایی که دارای شاخص سطح برگ بالایی هستند قابلیت تولید ماده خشک بیشتری را دارند (Ehteshami *et al.*, 2013). در این مطالعه درباره صفت شاخص سطح برگ، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P14L2 و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P1L4 (Dialell- Karaj) مشاهده شد. در رابطه با صفت تعداد بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ K19*/1392 (Isolate) و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ K12264/ 5-1 مشاهده شد. درباره میزان کلروفیل (SPAD)، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 138*/89 و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ K1533 Popcorn مشاهده شد. درباره وزن دانه در بوته بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P16L6 Kahia و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ A679/420N89 مشاهده شد. صفت وزن دانه تأثیر مستقیمی بر عملکرد دانه دارد و می‌تواند در اصلاح ذرت برای دستیابی به لاین‌های مطلوب سودمند باشد (Agrama, 1996). درباره وزن چوب‌بلال، بالاترین

مکان تکثیر شدند که ۳۸ مکان چند شکل بودند. تعداد آل مؤثر از ۱/۲ در آغازگر Ac/Ds تا ۱/۷۶ در ترکیب Ruda×UBC878 در ژنوتیپ‌های PIC دامنه بود. دامنه Ac/Ds تا ۰/۳۸۳ برای آغازگر Pangrangja متغیر بود. بر اساس نتایج آزمون Shapiro and Wilk (1965)، در رابطه با تعدادی از صفات، توزیع اشیب‌ها نرمال نبودند. از آنجا که نرمال‌سازی داده‌ها از طریق تبدیل داده ممکن است با کشیدن دم‌های کج به سمت مرکز توزیع، تفاوت بین افراد را نادرست نشان دهد (Doerge and Churchill, 1994; Mutschler *et al.*, 1996; Poormohammad Kiani *et al.*, 2009)، تمام تجزیه و تحلیل‌ها بر روی داده‌های بدون تغییر انجام شد. نتایج تجزیه واریانس صفات نشان داد که در اکثر صفات بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه اختلاف آماری معنی‌دار وجود دارد که ناشی از تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی است (جدول ۳). با توجه به این‌که ضریب تغییرات بیانگر دقت آزمایش می‌باشد، مقادیر بیشتر از ۳۰ به‌عنوان معیاری برای پایین بودن دقت آزمایش در نظر گرفته می‌شود. با این وجود عقیده کلی بر این است که چنانچه F مربوط به هر صفت معنی‌دار باشد، اختلاف بین تیمارها به حدی است که با وجود بالا بودن ضریب تغییرات تفاوت‌ها محرز شده و بالا بودن ضریب تغییرات مشکل اساسی در آزمایش ایجاد نمی‌کند (Morsali Aghajari *et al.*, 2020; Zarei *et al.*, 2007; Xu *et al.*, 2000). برآورد ارزش اصلاحی صفات در ژنوتیپ‌های مورد بررسی در جدول (۴) آمده است. بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت ارتفاع بوته به ترتیب در ژنوتیپ‌های K19*/1392 (Isolate) و P14L2 مشاهده شد. استفاده از ژنوتیپ با ارزش اصلاحی بالا در تلاقی‌ها منجر به تولید نتاج با ارتفاع ساقه بلند می‌شود. داشتن ساقه‌ای طویل منجر به افزایش سطح فتوسنتز و در نتیجه تولید مواد متابولیکی بیشتری می‌گردد

تاریخ ظهور بلال اول، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های W153R و P14L2 مشاهده شد. درباره تاریخ ظهور بلال دوم بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های K615/1 و P14L2 مشاهده شد. با در نظر گرفتن ارزش‌های اصلاحی جمیع صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های P9L6، P10L9، P3L11، OH43/1042 (Paternal) و P19L5 Kahia برترین رتبه را داشتند و به‌عنوان ارقامی که بالاترین ارزش اصلاحی را داشتند، شناخته شدند. در نتیجه این ژنوتیپ‌ها می‌توانند به‌عنوان والد مناسب در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند. در مقابل ژنوتیپ‌های 48*1390، ZK472221، *1387/193/Chase و 1264/1 پایین‌ترین رتبه را بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه داشتند (جدول ۴). لازم به ذکر است با توجه به اینکه اکثر صفات مورد مطالعه زراعی بودند بنابراین رتبه‌بندی درباره بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای هر صفت به یک روش اعمال شد؛ اما در مورد صفاتی که ارزش اصلاحی کمتر مطلوب باشد رتبه‌بندی برعکس مطالعه حاضر باید اعمال شود.

ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P14L2 و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 48*1390 مشاهده شد. بالا بودن وزن چوب‌بلال هم از دیدگاه علوفه (افزایش عملکرد بیولوژیک) و هم از دیدگاه افزایش استحکام بلال دارای اهمیت می‌باشد. در رابطه با قطر ابتدای چوب‌بلال بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P9L6 و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 48*1390 مشاهده شد. قطر بالای چوب‌بلال از اجزای مهم و تاثیرگذار در عملکرد و گزینش ژنوتیپ‌های با اهداف تولید علوفه می‌باشد (Ehteshami *et al.*, 2013). درباره قطر وسط چوب‌بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P11L7 و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P19I3 مشاهده شد. درباره صفت طول چوب‌بلال بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P16L6 Kahia و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ A679/420N89 مشاهده شد. درباره صفت وزن خشک بوته، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P15L4 و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 48*1390 مشاهده شد. بالا بودن وزن خشک بوته در عملکرد بیولوژیک نقش بسزایی دارد. درباره تاریخ ظهور گل نر، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ OH43/1042 (Paternal) مشاهده شد. درباره

جدول ۳. تجزیه واریانس برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های ذرت

Table 3. Analysis of variance for studied characters in maize genotypes

EPP	sh	LA	میانگین مربعات					درجه آزادی	منابع تغییرات
			LW	LL	PHE	PH	SWP		
0.11	0.00019	1295.97	0.20	53.20**	24.58	96.20	327.38	5	بلوک
1.31**	0.0025**	22969.65**	4.18**	287.94**	1349.81**	3262.28**	2837.92**	96	ژنوتیپ
0.054	0.00014	1240.28	0.45	9.23	30.90	59.30	329.10	422	خطا
13.03	11.36	11.10	9.18	5.33	9.21	5.12	39.36	-	ضریب تغییرات (%)

*: معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد، **: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد، SWP: وزن دانه در بوته، PH: ارتفاع بوته، PHE: ارتفاع بوته تا بلال، LL: طول برگ، LW: عرض برگ، LA: نسبت سطح برگ، Sh: شاخص سطح برگ، EPP: تعداد بلال، Ch: میزان کلروفیل، CDW: وزن چوب‌بلال، CDBP: قطر ابتدای چوب‌بلال، CDMP: قطر وسط چوب‌بلال، CL: طول چوب‌بلال، DWP: وزن خشک بوته، DT: تاریخ ظهور گل نر، DFEE: تاریخ ظهور بلال اول، DSEE: تاریخ ظهور بلال دوم.

ادامه جدول ۳. تجزیه واریانس برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های ذرت

Continued table 3. Analysis of variance for studied characters in maize genotypes

DSEE	DFEE	DT	میانگین مربعات							درجه آزادی	منابع تغییرات
			DWP	CL	CDMP	CDBP	CDW	Ch			
63.58**	8.46	1104.54	104.15	3.44	0.22	0.19	29.47	67285.94	5	بلوک	
149.50**	149.41**	1405.17*	1006.74**	36.20**	0.58**	0.49**	160.23**	59910.26	96	ژنوتیپ	
10.04	6.63	986.45	200.68	3.56	0.10	0.09	15.27	66358.17	422	خطا	
3.68	3.30	45.53	27.88	14.23	14.22	11.51	26.06	493.87	-	ضریب تغییرات (%)	

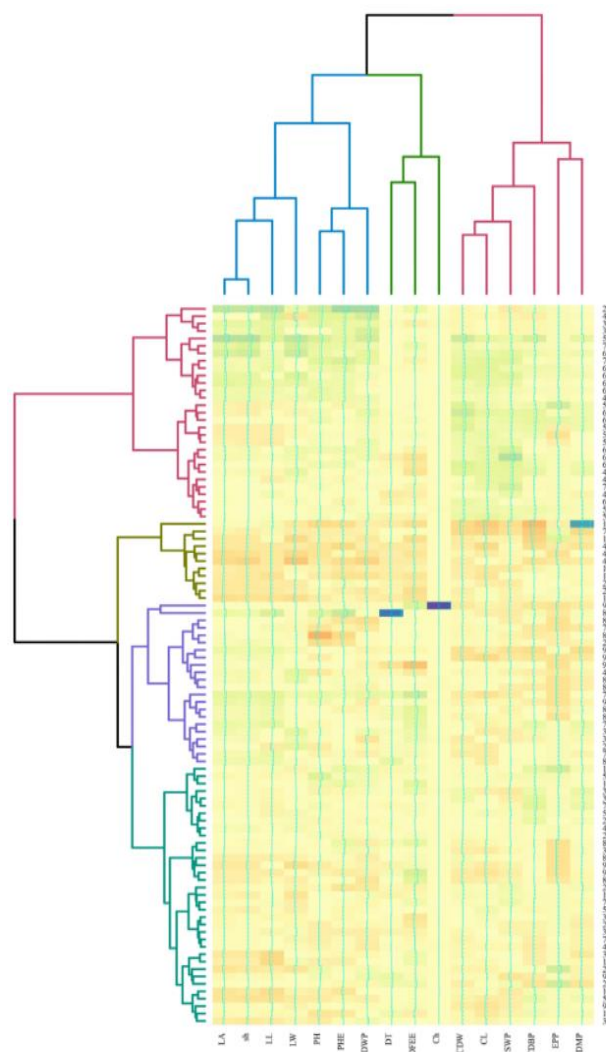
*: معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد، **: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد، SWP: وزن دانه در بوته، PH: ارتفاع بوته، PHE: ارتفاع بوته تا بلال، LL: طول برگ، LW: عرض برگ، LA: نسبت سطح برگ، Sh: شاخص سطح برگ، EPP: تعداد بلال، Ch: میزان کلروفیل، CDW: وزن چوب‌بلال، CDBP: قطر ابتدای چوب‌بلال، CDMP: قطر وسط چوب‌بلال، CL: طول چوب‌بلال، DWP: وزن خشک بوته، DT: تاریخ ظهور گل نر، DFEE: تاریخ ظهور بلال اول، DSEE: تاریخ ظهور بلال دوم.

گروه‌بندی کرد. صفاتی که در گروه اول قرار داشتند بیشتر ژنوتیپ‌ها درباره آن‌ها مقدار میانگین پایینی داشتند. البته برخی ژنوتیپ‌ها مانند P10L5, S2/QPM/SUKMA (Indonesia) و P10L9 و P16L6 Kahia مقدار میانگین بالایی برای صفات گروه اول نشان دادند. صفاتی که در گروه دوم قرار داشتند همه ژنوتیپ‌ها بجز ژنوتیپ‌های K1533 Popcorn و OH43/1042 (Paternal) درباره آن صفات مقدار میانگین بالایی داشتند. صفاتی که در گروه سوم قرار داشتند، اکثر ژنوتیپ‌ها درباره آن‌ها به غیر از ژنوتیپ‌های Tenptato (White-First class), P10L5, P16L6 Kahia, P11L7 و P11L6 مقدار میانگین پایینی داشتند.

تجزیه خوشه‌ای بر اساس ارزش‌های اصلاحی به روش حداقل واریانس WARD ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به ۳ گروه، دسته‌بندی کرد (شکل ۳). اکثر ژنوتیپ‌هایی که در گروه اول قرار گرفتند برای صفات طول برگ، شاخص سطح برگ و نسبت سطح برگ ارزش اصلاحی پایینی داشتند. در مقابل اکثر ژنوتیپ‌های این گروه برای صفات تعداد بلال، ارتفاع بوته تا بلال و ارتفاع بوته ارزش اصلاحی بالایی داشتند. در گروه دوم ژنوتیپ‌هایی قرار داشتند که از لحاظ اکثر صفات ارزش اصلاحی پایینی داشتند؛ به طوری که ژنوتیپ‌های 48*1390, ZK472221, 1387/193/Chase* و 1264/1 که با در نظر گرفتن مجموع صفات مورد مطالعه پایین‌ترین رتبه را داشتند در این گروه قرار گرفتند. در گروه سوم ژنوتیپ‌هایی قرار دارند که برای صفات طول چوب‌بلال و وزن دانه در بوته ارزش اصلاحی منفی داشتند و ژنوتیپ‌هایی مانند OH43/1042 (Paternal) برای صفت تاریخ ظهور بلال اول و ژنوتیپ‌های P10L9, P19L5 Kahia, P15L4 و P3L 11 برای صفت عرض برگ و اکثر ژنوتیپ‌ها برای صفات وزن خشک بوته، قطر وسط چوب‌بلال و قطر ابتدای چوب‌بلال ارزش اصلاحی مثبتی داشتند.

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها بر اساس میانگین ارزش فنوتیپی و اصلاحی صفات

تجزیه خوشه‌ای بر اساس میانگین ارزش فنوتیپی صفات، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به چهار دسته گروه‌بندی کرد (شکل ۲). بیشتر ژنوتیپ‌هایی که در گروه اول قرار داشتند برای اکثر صفات به غیر از سه صفت: میزان کلروفیل، تاریخ ظهور بلال اول و تاریخ ظهور گل نر، مقدار میانگین بالایی داشتند. در گروه دوم ژنوتیپ‌هایی قرار داشتند که برای تمامی صفات مقدار میانگین پایینی داشتند و تنها ژنوتیپ Tenptato (White-First class) برای صفت قطر وسط چوب‌بلال دارای مقدار میانگین بالایی بود. در گروه سوم نیز به‌مانند گروه دوم ژنوتیپ‌هایی قرار داشتند که برای بیشتر صفات مقدار میانگین پایین داشته؛ اما برای برخی صفات مقدار میانگین بالایی داشتند. در این گروه ژنوتیپ‌های R59*R و Challenged 1389/st (Double cross- maternal) به‌ترتیب برای صفات ارتفاع بوته و تاریخ ظهور بلال اول مقدار میانگین پایینی داشتند و ژنوتیپ‌های K1533 Popcorn (Paternal) و OH43/1042 و B73 به‌ترتیب برای صفات میزان کلروفیل، تاریخ ظهور گل نر و تاریخ ظهور بلال اول مقدار میانگین بالایی داشتند. در گروه چهارم هم‌چون دو گروه دوم و سوم ژنوتیپ‌هایی قرار داشتند که برای بیشتر صفات مقدار میانگین پایین داشته؛ اما برای برخی صفات مقدار میانگین بالایی داشتند. در این گروه ژنوتیپ 13/ K19/1 برای صفت تعداد بلال مقدار میانگین بالایی داشت و ژنوتیپ‌های KS13, R319, 3K19/1 و K1264 /1 برای صفت تعداد بلال و ژنوتیپ‌های K1911 /7 و 6*/88 برای صفت طول برگ مقدار میانگین پایینی داشتند. با توجه به گروه‌بندی حاصل، گروه اول نسبت به گروه سوم و گروه دوم به نسبت به چهارم از نظر مقدار میانگین صفات مورد نظر وضعیت بهتری داشتند و گروه دوم و چهارم وضعیت ضعیف‌تری داشتند. در بُعد دیگر، تجزیه خوشه‌ای صفات را به سه دسته



شکل ۲. گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف ذرت با روش وارد بر اساس میانگین ارزش فنوتیپی صفات زراعی مورد مطالعه.
Figure 2. Grouping of different maize genotypes by Ward method based on the average phenotypic value of the studied agronomic traits.

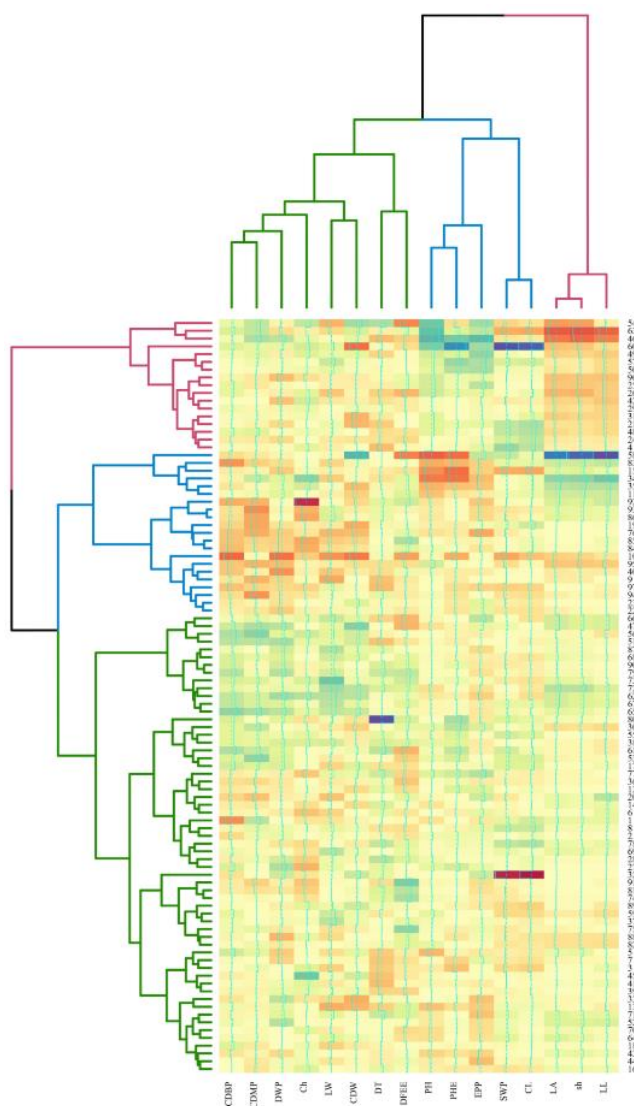
cross-maternal) و ZK472221 درباره آن‌ها ارزش اصلاحی پایینی داشتند. صفاتی که در گروه سوم قرار داشتند؛ برخی ژنوتیپ‌ها مانند: MO17، P1L4 و K19* /1392 (Isolate)، 20*1399 (Dialell- Karaj) در رابطه با آن‌ها ارزش اصلاحی پایینی داشتند و ژنوتیپ‌هایی مانند: P14L2، 13/ K19/1، 66*1388، Challenged 1389/st و P19L5 Kahia در آن صفات دارای ارزش اصلاحی بالایی بودند. به نظر می‌رسد که گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر پایه ارزش‌های اصلاحی برآورد شده

در بعد دیگر این تجزیه کلاستر نیز، به ۳ دسته، گروه‌بندی شدند. صفاتی که در گروه اول قرار داشتند برخی ژنوتیپ‌ها مانند: P19L5، P10L9، B73، Kahia درباره آن‌ها ارزش اصلاحی بالا و برخی ژنوتیپ‌ها مانند: 43*89 (Red cob corn)، 48*1390 و ZK472221 درباره آن‌ها ارزش اصلاحی پایینی داشتند. صفاتی که در گروه دوم قرار گرفتند؛ ژنوتیپ‌های Kahia P16L6، P14L2 و 67* /88 در رابطه با آن‌ها ارزش اصلاحی بالا و ژنوتیپ‌های K1911 (7/، R59*R (Double

ارزش اصلاحی، تنها اثرات انتقال‌پذیر به نسل بعد (اثرات افزایشی) نقش دارند.

از اهداف اصلی به‌نژادگران ایجاد بهترین ترکیب صفات در یک فرد می‌باشد. تخمین ارزش یک ژنوتیپ امری مهم جهت طراحی برنامه‌های اصلاحی می‌باشد. ارزش اصلاحی یک فرد که میانگین ارزش نتاج آن فرد می‌باشد یک مفهوم مهم در اصلاح گیاهان و حیوانات است (Falconer *et al.*, 1996).

دقیق‌تر می‌باشد و البته صحت گروه‌بندی باید با انجام تلاقی بین افراد از گروه‌های مختلف و بررسی ارزش نتاج بررسی گردد. اگرچه در گروه‌بندی بر پایه میانگین ارزش فنوتیپی صفات، با میانگین‌گیری، ارزش ژنوتیپ به فنوتیپ نزدیک می‌شود ولی ارزش ژنوتیپی تنها شامل اثرات انتقال‌پذیر به نسل بعد به نام اثر افزایشی نیست؛ بلکه در آن اثرات غیر افزایشی (اثر متقابل بین مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات) هم نقش دارند. اما در گروه‌بندی بر اساس



شکل ۳. گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف ذرت با روش وارد بر اساس ارزش اصلاحی صفات زراعی مورد مطالعه.

Figure 3. Grouping of different maize genotypes by Ward method based on the estimating breeding value of the studied agronomic traits.

اصلاحی مثبت و بالا برای صفات طول برگ، نسبت سطح برگ، وزن چوب‌بلال و شاخص سطح برگ و ژنوتیپ P16L6 Kahia ارزش اصلاحی مثبت و بالا برای صفات ارتفاع بوته تا بلال، طول چوب‌بلال و وزن دانه در بوته نشان داد. بر اساس ارزش اصلاحی جمیع صفات مورد مطالعه ژنوتیپ‌های P3L11، P10L9، P9L6، P19L5 Kahia و OH43/1042 (Paternal) دارای بالاترین ارزش اصلاحی بودند. ارزش اصلاحی مثبت نشان می‌دهد این ژنوتیپ‌ها بیشترین پتانسیل در انتقال ارزش صفات به نسل بعد را دارند. لذا این ژنوتیپ‌ها می‌توانند به‌عنوان والد مناسب برای اصلاح صفات در برنامه‌های تلاقی ذرت مورد استفاده قرار گیرند. برآورد ارزش اصلاحی در غلات به‌خصوص در ذرت تاکنون کمتر انجام گرفته است. از طرفی هدف اصلی به‌نژادگران ایجاد بهترین ترکیب صفات در یک فرد می‌باشد؛ لذا نتایج حاصل از برآورد ارزش‌های اصلاحی در این پژوهش می‌تواند جهت انتخاب بهترین فرد از نظر ارزش اصلاحی برای توسعه جمعیت‌های اصلاحی و برنامه‌های مکان‌یابی ژن نیز مورد استفاده قرار گیرد.

REFERENCES

- Ahmad, I., Ahmad, B., Boote, K., & Hoogenboom, G. (2020). Adaptation strategies for maize production under climate change for semi-arid environments. *European Journal of Agronomy*, 115, 126040.
- Agrama, H. A. S. (1996). Sequential path analysis of grain yield and its components in maize. *Plant Breeding*, 115(5), 343-346.
- Bauer, A. M., Reetz, T. C., & Léon, J. (2006). Estimation of breeding values of inbred lines using best linear unbiased prediction (BLUP) and genetic similarities. *Crop Science*, 46(6), 2685-2691.
- Bernardo, R. (1994). Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. *Crop Science*, 34(1), 20-25.
- Bernardo, R. (2002). *Breeding for quantitative traits in plants* (Vol. 1, p. 369). Woodbury: Stemma press.
- de Souza, V. A., Byrne, D. H., & Taylor, J. F. (2000). Predicted breeding values for nine plant and fruit characteristics of 28 peach genotypes. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 125(4), 460-465.
- Churchill, G. A., & Doerge, R. (1994). Empirical threshold values for quantitative trait mapping. *Genetics*, 138(3), 963-971.
- Ehteshami, S.M., Ebrahimi, P., Zand, B. (2014). Investigation of quantitative and qualitative characteristics of silage corn genotypes in Varamin region. *Journal of Crop Production*, 5(4), 19-38.
- Falconer, D. S. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. Pearson

ژنوتیپ P16L6 Kahia دارای ارزش اصلاحی بالا برای صفات طول چوب‌بلال، وزن دانه در بوته و ارتفاع بوته تا بلال می‌باشد. ژنوتیپ P14L2 دارای ارزش اصلاحی بالا برای صفات شاخص سطح برگ، وزن چوب‌بلال، نسبت سطح برگ و طول برگ می‌باشد. ژنوتیپ (Isolate) K19*/1392 دارای ارزش اصلاحی بالا برای صفات تعداد بلال و ارتفاع بوته می‌باشد. این ژنوتیپ‌ها می‌توانند والدین مناسبی در برنامه‌های تلاقی باشند. در این مطالعه ارزش اصلاحی برای تک تک صفات بر پایه ماتریس شباهتی که از طریق نشانگرهای مولکولی محاسبه شده بود و همچنین داده‌های فنوتیپی صفت که در قالب طرح آزمایشی اندازه‌گیری شده بود در مدل خطی مخلوط برآورد گردید. بر اساس جمیع صفات مورد مطالعه ژنوتیپ‌های P19L5، P9L6، P10L9، P3L11، Kahia و OH43/1042 (Paternal) به‌عنوان ژنوتیپ‌هایی که بالاترین ارزش اصلاحی را داشتند، شناخته شدند.

در این مطالعه ارزش اصلاحی ۹۷ ژنوتیپ مختلف ذرت برآورد شده است. ژنوتیپ P14L2 ارزش

- Education India.
- Farshadfar, E. (1998). Application of quantitative genetics in plant breeding. Razi University Press, Kermanshah, Iran. (In Persian).
- Henderson, C. R. (1990). Statistical methods in animal improvement: historical overview. *In Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock* (pp. 2-14). Springer, Berlin, Heidelberg.
- Hoxha, S., Shariflou, M. R., & Sharp, P. (2004). Evaluation of genetic diversity in Albanian maize using SSR markers [*Zea mays* L.; simple sequence repeat]. *Maydica (Italy)*.
- Khalifani, S., Ghaffari Azar, A., Darvishzadeh, R., Kahrizi, D., & Alipour, H. Association analysis of agromorphological traits in maize lines using retrotransposon-based markers IRAP and REMAP. *Journal of Crop Breeding*, 0-0.
- Kuhn, B. C., López-Ribera, I., da Silva Machado, M. D. F. P., & Vicient, C. M. (2014). Genetic diversity of maize germplasm assessed by retrotransposon-based markers. *Electrophoresis*, 35(12-13), 1921-1927.
- Marzang, N., Abdollahi Mandoulakani, B., Shaaf, S., Ghadimzadeh, M., Bernousi, I., Abbasi Holasou, H., & Sadeghzadeh, B. (2020). IRAP and REMAP-based genetic diversity among Iranian, Turkish, and International Durum wheat (*Triticum turgidum* L.) cultivars. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 22(1), 271-285.
- Meuwissen, T., & Goddard, M. (2010). Accurate prediction of genetic values for complex traits by whole-genome resequencing. *Genetics*, 185(2), 623-631.
- Meyer, K. (2007). WOMBAT-A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal of Zhejiang University Science B*, 8(11), 815-821.
- Morsali Aghajari, F., Darvishzadeh, R., & Gholami, G. (2020). The effect of salt stress on morphological traits and electrophoresis pattern of proteins in recombinant inbred lines population of oilseed sunflower derived from PAC2× RHA266 cross. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 13(2), 583-600.
- Murray, M. G., & Thompson, W. (1980). Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*, 8(19), 4321-4326.
- Mutschler, M. A., Doerge, R. W., Liu, S. C., Kuai, J. P., Liedl, B. E., & Shapiro, J.A. (1996). QTL analysis of pest resistance in the wild tomato *Lycopersicon pennellii*: QTLs controlling acylsugar level and composition. *Theoretical and Applied Genetics*, 92(6), 709-718.
- Nuss, E. T., & Tanumihardjo, S. A. (2010). Maize: a paramount staple crop in the context of global nutrition. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 9(4), 417-436.
- Oliveira, G. H., Buzinaro, R., Revolti, L., Giorgenon, C. H., Charnai, K., Resende, D., & Moro, G. V. (2016). An accurate prediction of maize crosses using diallel analysis and best linear unbiased predictor (BLUP). *Chilean Journal of Agricultural Research*, 76(3), 294-299.
- Patterson, H. D., & Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58(3), 545-554.
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E., & Büchse, A. (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, 161(1), 209-228.
- Poormohammad Kiani, S., Maury, P., Nouri, L., Ykhlef, N., Grieu, P., & Sarrafi, A. (2009). QTL analysis of yield-related traits in sunflower under different water treatments. *Plant Breeding*, 128(4), 363-373.
- Razi, M., Darvishzadeh, R., Doulati Baneh, H., Amiri, M. E., & Martinez-Gomez,

- P. (2021). Estimating breeding value of pomological traits in grape cultivars based on REMAP molecular markers. *Journal of Plant Productions*, 44(4).
- 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.
- Sadeghi, F., & Rahimi, M. (2017). The use of cluster analysis for best lines selection in Maize at S6 generation. *Journal of Crop Breeding*, 8(20), 98-91.
- Searle, S. R., Casella, G., & McCulloch, C. E. (2009). *Variance components*. John Wiley & Sons.
- Semagn, K., Bjørnstad, Å., & Xu, Y. (2010). The genetic dissection of quantitative traits in crops. *Electronic Journal of Biotechnology*, 13(5), 16-17.
- Shapiro, S. S., & Wilk, M. B. (1965). An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika*, 52(3/4), 591-611.
- 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.
- Xu, W., Subudhi, P. K., Crasta, O. R., Rosenow, D. T., Mullet, J. E., & Nguyen, H. T. (2000). Molecular mapping of QTLs conferring stay-green in grain sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench). *Genome*, 43(3), 461-469.
- Zarei, L., Farshadfar, E., Haghparast, R., Rajabi, R., & Badieh, M. M. S. (2007). Evaluation of some indirect traits and indices to identify drought tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*.