

برآورد ارزش اصلاحی صفات زراعی در لاین‌های ذرت دانه‌ای بر اساس نشانگرهای SNP

Estimating Breeding Value of Agronomic Traits of Maize (*Zea mays* L.) based on SNP Markers

الهام هیبت^۱، رضا درویش‌زاده^{۲*}، امیر فیاض مقدم^۲

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

۲- به‌ترتیب استاد، دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

Heibat E¹, Darvishzadeh R^{*2}, Fayaz Moghaddam A²

1- MSc Student in Agricultural Biotechnology, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran

2- Professor, Associate professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱۰/۲۷ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۶/۲۹)

چکیده

در یک برنامه اصلاحی اطلاع از نحوه عمل ژن‌ها نقش کلیدی در طراحی برنامه‌های تلاقی و انتخاب مؤثر دارد. در این پژوهش، ارزش اصلاحی برای ۱۷ صفت زراعی در ذرت با استفاده از نشانگرهای SNP از طریق بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) برآورد شد. در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه؛ ژنوتیپ 25*/89 از لحاظ تاریخ ظهور گل نر، ژنوتیپ P13L2 از لحاظ میزان کلروفیل دارای بالاترین میزان ارزش اصلاحی بودند. ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) از لحاظ وزن خشک بوته، طول برگ، ارتفاع بوته و ژنوتیپ R59 (Paternal) از لحاظ تاریخ ظهور بلال اول و ژنوتیپ 1264/1 از لحاظ تاریخ ظهور بلال دوم دارای بالاترین ارزش اصلاحی بودند. ژنوتیپ P16L4 Kahia از لحاظ وزن دانه در بوته ارزش اصلاحی مثبت و بالا نشان داد. ژنوتیپ P11L7 برای تعداد بلال، ژنوتیپ P9L6 برای طول چوب بلال، ژنوتیپ P10L5 برای صفات عرض برگ، شاخص سطح برگ، قطر ابتدای چوب بلال، قطر وسط چوب بلال، وزن چوب بلال و ارتفاع بوته دارای بالاترین ارزش اصلاحی بودند. با در نظر گرفتن مجموع ارزش‌های اصلاحی صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های P10L5، P16L6 Kahia، P10L7، P10L9 بالاترین رتبه را داشتند. وراثت‌پذیری خصوصی برآورد شده برای صفات مورد مطالعه در محدوده ۰/۲۲ تا ۰/۹۴ بود. ژنوتیپ‌های با بالاترین ارزش اصلاحی، بالاترین توان در انتقال صفات خود به نتاج را دارند؛ بنابراین می‌توانند به‌عنوان والد مطلوب برای اصلاح این صفات در برنامه‌های تلاقی استفاده شوند.

واژه‌های کلیدی

ذرت
صفات آگروبیولوژیک
مدل خطی مخلوط
نشانگرهای مولکولی
وراثت‌پذیری

ذرت (*Zea mays* L.) گیاهی یکساله، یک‌پایه، دگرگشن، دیپلوئید ($2n=20$) از خانواده گندمیان است (Coulter et al. 2010) که در تأمین امنیت غذایی برای میلیون‌ها نفر در کشورهای در حال توسعه، به‌ویژه در صحرای آفریقا (SSA) و آمریکای لاتین نقش مهمی دارد (Shiferaw et al. 2011). این گیاه، تنها غله‌ای است که در کشور مکزیک و گواتمالا تکامل یافته است. ذرت پرمحصول‌ترین غله دنیا است و از لحاظ مقدار تولید، پس از گندم و برنج قرار می‌گیرد. ایالات متحده آمریکا و چین باهم تقریباً ۶۰٪ ذرت دنیا را تولید می‌کنند (Nuss et al. 2010). دانه ذرت حاوی ۴٪ لیپید، ۶/۸ تا ۱۲٪ پروتئین و ۷۲ تا ۷۴٪ 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). نشانگرهای مولکولی از جمله عناصر زیستی هستند که به‌عنوان کاوشگرهای آزمایشگاهی برای یافتن و مشخص کردن یک فرد، بافت، سلول، هسته سلولی، کروموزوم یا ژن به‌کار می‌روند و در انواع مختلف توسعه و معرفی می‌شوند (Semagn et al. 2010). نشانگر ¹SNP (چندشکلی تک نوکلئوتیدی)، تفاوت در یک نوکلئوتید در یک موقعیت مشابه در توالی DNA افراد است. SNP‌ها به‌دلیل تکرارپذیری بالا، کم هزینه بودن، فراوانی بالا در ژنوم اکنون به جای روش‌های دیگر در تجزیه‌های ژنتیکی استفاده می‌شوند (Semagn et al. 2014). این نشانگر به‌عنوان یک ابزار قدرتمند و کارآمد برای تجزیه‌های ژنتیکی مطرح می‌باشد (Hamblin et al. 2007).

در یک تلاقی والدین ژنوتیپ‌های خود را به نتاج منتقل نمی‌کنند، بلکه تنها ژن‌ها به نتاج منتقل می‌شوند. بنابراین، اثرات متوسط ژن‌های والدین تعیین کننده میانگین ارزش ژنوتیپی نتاج هست. ارزش یک فرد برای یک صفت که با استفاده از میانگین ارزش نتاج آن فرد برای آن صفت تعیین می‌شود را ارزش اصلاحی می‌نامند (Farshadfar 1998). به‌طور معمول مخصوصاً در اصلاح نژاد دام، تخمین ارزش‌های اصلاحی توسط بهترین پیش‌بینی ناآریب خطی² (BLUP) و بر اساس شجره افراد انجام می‌گیرد

¹ Single nucleotide polymorphisms² Best linear unbiased prediction

(Meyer 2007). در اینجا شجره افراد برای محاسبه ماتریس ضرایب همخوانی یا ماتریس ارتباط افزایشی بنام (A)، استفاده می‌شود. در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی می‌توان به جای ماتریس ارتباط افزایشی (A) از ماتریس شباهت ژنتیکی (K) که با استفاده از نشانگرهای مولکولی برآورد می‌شود، استفاده کرد (Bauer et al. 2006). بهترین پیش‌بینی ناآریب خطی (BLUP) همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی حقیقی و مقادیر ژنتیکی پیش‌بینی شده را به حداکثر می‌رساند که یکی از اهداف اصلی به‌نژادگران است (Searle et al. 2009). استفاده از این روش برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی در درختان جنگلی و همچنین گیاهان یکساله روز به روز در حال افزایش است (Tahmasbali et al. 2020). با برآورد ارزش‌های اصلاحی، گزینش گیاهان و افراد بر پایه این ارزش‌ها انجام می‌گیرد (Bernardo 1994). برآورد ارزش اصلاحی صفات جهت گزینش والدین تلاقی در پروژه‌های تولید لاین‌های خالص مهم است. ژنوتیپ‌هایی که بدین طریق انتخاب می‌گردند جهت ایجاد جمعیت‌های جدید اصلاحی مفید خواهند بود. گزارش‌ها و مطالعاتی هر چند محدود در زمینه برآورد ارزش اصلاحی با استفاده از نشانگرهای مولکولی ارائه شده است. در پژوهشی با استفاده از نشانگرهای مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون‌ها و همچنین ISSR، ارزش اصلاحی صفات پومولوژیک انگور با بهترین پیش‌بینی ناآریب خطی (BLUP) برآورد شد (Razi et al. 2020, 2021). در پژوهشی دیگر با بهترین پیش‌بینی ناآریب خطی (BLUP) و با استفاده از نشانگرهای مولکولی SSR برای محاسبه ماتریس خویشاوندی، ارزش اصلاحی صفات مختلف توتون‌های شرقی تحت شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز برآورد شد (Tahmasebali et al. 2020). در مطالعه‌ای دیگر برآورد ارزش اصلاحی صفات پومولوژیک هلو انجام و گزارش شده است (Fresnedo-Ramirez et al. 2016). اخیراً ارزش اصلاحی صفات جو با استفاده از نشانگرهای SNP و با استفاده از بهترین پیش‌بینی ناآریب خطی (BLUP) پیش‌بینی شده است (Alqudah et al. 2020). هدف اصلی به‌نژادگران ایجاد بهترین ترکیب صفات در یک فرد می‌باشد؛ بنابراین برآورد ارزش اصلاحی صفات جهت گزینش والدین در پروژه‌های تولید لاین‌های خالص مهم خواهد بود. در مطالعه حاضر برآورد ارزش

آزمایش و تعداد زیاد صفات مورد ارزیابی و به تبع زمان‌بر بودن آن، کنترل کامل شرایط آزمایش و اندازه‌گیری‌ها ممکن بود با خطاهایی مواجه شود. بنابراین، برای تقسیم کار، با وجود یکنواخت بودن خاک تمامی گلدان‌ها و یکسان بودن شرایط رشد گیاهان، از طرح آزمایشی بلوک‌های کامل تصادفی استفاده شد. ژنوتیپ‌ها در اوایل کشت هر سه روز یکبار آبیاری شدند. بعد از اینکه گیاهان به مرحله ۴ برگی رسیدند، آبیاری به صورت روزانه با سامانه آبیاری قطره‌ای انجام گرفت و هر ۲ روز یکبار کوددهی گلدان‌ها با ۰/۵ گرم در لیتر کود ۲۰-۲۰-۲۰ (با نام تجاری Nutrivit WS NPK) انجام شد. این روال آبیاری تا مرحله گلدهی گیاه ادامه یافت. در مرحله گلدهی (تاسل‌دهی) صفات ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، ارتفاع بوته تا بلال (سانتی‌متر)، طول برگ (سانتی‌متر)، عرض برگ (سانتی‌متر)، سطح برگ (سانتی‌متر مربع)، شاخص سطح برگ، تعداد بلال، میزان کلروفیل (SPAD)، وزن دانه در بوته (گرم)، وزن چوب بلال (گرم)، قطر ابتدای چوب بلال (سانتی‌متر)، قطر وسط چوب بلال (سانتی‌متر)، طول چوب بلال (سانتی‌متر)، وزن خشک بوته (گرم)، تاریخ ظهور گل (روز)، تاریخ ظهور بلال اول (روز)، تاریخ ظهور بلال دوم (سانتی‌متر) اندازه‌گیری شدند (Khalili et al. 2010).

اصلاحی صفات آگرومورفولوژیک ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از نشانگرهای مولکولی SNP انجام شده است.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق ۵۵ ژنوتیپ ذرت (جدول ۱) 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 و در فضای باز در محوطه گلخانه‌های تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه واقع در منطقه نازلو با طول جغرافیایی ۴۵ درجه و ۴ ثانیه و عرض جغرافیایی ۳۷ درجه و ۳۲ ثانیه و ارتفاع ۱۳۲۰ متر از سطح دریا در گلدان‌های بزرگ با ارتفاع ۲۶ سانتی‌متر و قطر دهانه ۳۰ سانتی‌متر با زهکشی مناسب و با ترکیب ۱ ماسه و ۲ خاک (جدول ۲) در قالب طرح پایه بلوک کامل تصادفی با ۶ تکرار کشت شدند. داخل هر گلدان دو بذر کشت شد؛ در مرحله ۴ برگی فقط یک گیاه نگهداری گردید. برای زهکشی مناسب در ته گلدان روی سوراخ‌های از قبل تعبیه شده، سنگ‌ریزه ریخته شده و بعد خاک اضافه شد. با توجه به تعداد زیاد لاین‌های مورد مطالعه، بزرگ بودن فضای

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های ذرت مورد استفاده در مطالعه حاضر

Preparation site	Genotype name	Number	Preparation site	Genotype name	Number
Karaj	B73(RFC or CMS)	29	Kermanshah	P15 L16 Kahia	1
Karaj	1264/ 1	30	Kermanshah	P9L3 Kahia	2
Karaj	ZK472221	31	Kermanshah	P13L2	3
Mashhad	K1263-1388	32	Kermanshah	P6L1	4
Mashhad	89-4*	33	Kermanshah	P19I3	5
Mashhad	9/K1911	34	Kermanshah	P14L1 Kahia	6
Mashhad	25*/89	35	Kermanshah	P11L7	7
Mashhad	55-N- K3640/S	36	Kermanshah	P14L2	8
Mashhad	20*1399	37	Kermanshah	P10L5	9
Mashhad	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	38	Kermanshah	P1L4 (Dialell- Karaj)	10
Mashhad	6*/88	39	Kermanshah	P11L6	11
Mashhad	4/K1911	40	Kermanshah	P13L3	12
Mashhad	66*1388	41	Kermanshah	P16L4 Kahia	13
Mashhad	48*1390	42	Kermanshah	P19L5 Kahia	14
Mashhad	K18-B /1392 (Indonesia-Colombia)	43	Kermanshah	P16L6 Kahia	15
Mashhad	7/K1911	44	Kermanshah	P15L4	16
Mashhad	23*89	45	Kermanshah	P9L6	17
Mashhad	70*1388	46	Kermanshah	P10L7	18
Mashhad	10/K 19/1	47	Kermanshah	P16L12 Kahia	19
Mashhad	138*/89	48	Karaj	P10L9	20
Mashhad	K19*/1392 (Isolate)	49	Karaj	MO17	21
Mashhad	1*/89 (Red cob corn)	50	Karaj	OH43/1-42	22
Mashhad	Popcorn-53 or 54 (Linear)	51	Karaj	K615/1	23
Mashhad	172*/89	52	Karaj	B73	24
Mashhad	8/K1911	53	Karaj	R59 (Paternal)	25
Mashhad	67*/88	54	Karaj	W37a	26
Mashhad	36-N/M-K3653/2	55	Karaj	R319	27
			Karaj	R=59	28

جدول ۲- نتایج تجزیه خاک مورد استفاده در مطالعه حاضر

pH	EC	OC	OM	CaCO ₃	Clay	Silt	Sand	Texture	K	P
-	dS/m	%	%	%	%	%	%	-	mg/kg	mg/kg
7.96	1.09	0.68	1.17	12.0	24	40	36	Loam	218.96	16

pH: potential of hydrogen; EC: electrical conductivity; OC: organic carbon; OM: organic matter; K: potassium; P: phosphorus.

ماتریس واریانس-کوواریانس V می‌باشد (Piepho et al. 2008). اثرات ثابت توسط بهترین برآورد نأریب خطی (BLUE) و اثرات تصادفی از طریق بهترین پیش‌بینی نأریب خطی (BLUE) 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) به‌صورت زیر می‌باشد:

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

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

که در آن؛ A یک ماتریس $t \times t$ (تعداد ژنوتیپ) ضرایب خویشاوندی است که درجه کوواریانس ژنتیکی بین افراد را نشان می‌دهد. r یک ماتریس واحد است؛ اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها یکسان باشد. اما اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها متفاوت باشد؛ R یک ماتریس $n \times n$ (تعداد مشاهدات) با عناصر خارج قطری صفر و عناصر روی قطر برابر عکس تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها است (Bernardo 2010). V_e و V_g به‌ترتیب 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 SNP در نرم‌افزار TASSEL محاسبه شد، استفاده شد. در برآوردها از دو برابر ماتریس Kinship به جای ماتریس روابط خویشاوندی (A) در مدل مخلوط استفاده شد (Fehr 1991). آزمون برابری برآورد ارزش‌های اصلاحی با صفر با آماره t انجام گرفت. کلیه محاسبات مربوط به ارزش اصلاحی در نرم‌افزار SAS

پس از کشت ژنوتیپ‌های ذرت، نمونه‌های برگ از هر ژنوتیپ در مرحله چهار برگگی انتخاب و سپس DNA ژنومی با روش CTAB استخراج شد (Saghai-Marooft et al. 1984). کمیت و کیفیت DNA استخراج شده، با استفاده از اسپکتروفتومتری و الکتروفورز ژل آگارز ۱٪ مورد بررسی قرار گرفت. پس از اطمینان از کیفیت و کمیت DNAهای استخراج شده، نمونه‌های DNA برای توالی‌یابی به شرکت TraitGenetics آلمان ارسال شدند (<http://www.traitgenetics.com/>). کتابخانه ژنومی نمونه‌ها توسط شرکت مذکور ساخته شده و توالی‌یابی با استفاده از پلت‌فرم Unterseer et al.) Affymetrix® Maize 600K genotyping array (2014) انجام شد. پس از انجام توالی‌یابی نمونه‌ها براساس آرایه Affymetrix® Maize 600K توسط شرکت، SNPهای دارای فراوانی آل جزئی کمتر از ۱۰ درصد حذف شد و در نهایت تعداد ۴۴۹۹۲۹ نشانگر SNP شناسایی شد.

پس از بررسی توزیع نرمال اشتباهات آزمایشی با آزمون شاپیرو و ویلک، تجزیه واریانس و برآورد میانگین صفات در قالب مدل آماری طرح پایه (بلوک‌های کامل تصادفی) در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام شد. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی صفات مورفولوژیک ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از بسته factoextra در نرم‌افزار R انجام شد. پیش‌بینی ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌ها برای هر یک از صفات زراعی به روش بهترین پیش‌بینی نأریب خطی در قالب مدل خطی مخلوط در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام گرفت (Bernardo 2010). مدل مخلوط برای برآورد ارزش‌های اصلاحی به صورت زیر است:

$$Y = Xb + Zu + e$$

که در آن Y بردار مشاهدات، b و u به‌ترتیب بردارهای اثرات ثابت و تصادفی، X و Z به‌ترتیب، ماتریس‌های تلاقی و e بردار باقی‌مانده تصادفی هستند. فرض می‌شود توزیع اثرات تصادفی به‌صورت $u \sim MVN(0, G)$ و $e \sim MVN(0; R)$ است که در آن

صفات ارتفاع بوته تا بلال و وزن خشک بوته ارزش فنوتیپی بالایی نشان داد. ژنوتیپ B73 برای صفت تاریخ ظهور بلال اول و ژنوتیپ P10L5 برای صفات نسبت سطح برگ، شاخص سطح برگ و عرض برگ ارزش فنوتیپی بالایی نشان دادند. ژنوتیپ‌هایی که در گروه دوم قرار گرفتند برای برخی صفات ارزش فنوتیپی بالا و برای دیگر صفات ارزش فنوتیپی پایینی داشتند. به عنوان نمونه ژنوتیپ P13L2 برای صفت میزان کلروفیل ارزش فنوتیپی بالا و برای صفت تاریخ ظهور بلال اول ارزش فنوتیپی پایین نشان داد. ژنوتیپ P16L4 Kahia برای صفت وزن دانه در بوته ارزش فنوتیپی بالا و برای صفات تاریخ ظهور بلال اول و تاریخ ظهور گل نر ارزش فنوتیپی پایین نشان داد. ژنوتیپ‌هایی که در گروه سوم قرار داشتند برای اکثر صفات ارزش فنوتیپی پایین نشان دادند. به عنوان نمونه ژنوتیپ‌های ZK472221 (RFC or CMS)، P13L3 و B73 که به ترتیب برای صفات وزن چوب بلال، طول چوب بلال و قطر ابتدای چوب بلال ارزش فنوتیپی پایین داشتند، در این گروه قرار گرفتند. در گروه چهارم ژنوتیپ‌هایی قرار گرفتند که مثل ژنوتیپ‌های گروه دوم برای برخی صفات ارزش فنوتیپی بالا و برای دیگر صفات ارزش فنوتیپی پایینی داشتند. به عنوان نمونه ژنوتیپ P13L2 و P19I3 به ترتیب برای صفات وزن چوب بلال و تعداد بلال ارزش فنوتیپی بالا داشتند. در مقابل ژنوتیپ‌های MO17 و 25*89 برای صفت طول برگ ارزش فنوتیپی پایین نشان دادند. ژنوتیپ‌هایی که در گروه اول قرار گرفتند نسبت به گروه دوم، سوم و چهارم وضعیت بهتری داشتند. در مقابل ژنوتیپ‌هایی که در گروه سوم قرار گرفتند نسبت به گروه اول، دوم و چهارم وضعیت ضعیف‌تری داشتند. نتایج مقایسه میانگین صفات آگرومورفولوژیک بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان می‌دهد که گروه ۱ و ۲ برای اکثر صفات از جمله: ارتفاع بوته (PH)، ارتفاع بوته تا بلال (PHE)، عرض برگ (LW)، تعداد بلال (EPP)، میزان کلروفیل (Ch)، قطر ابتدای چوب بلال (CDBP) و قطر وسط چوب بلال (CDMP) وضعیت مطلوب‌تر و گروه ۳ و ۴ برای اکثر صفات از جمله: طول چوب بلال (CL)، نسبت سطح برگ (LA)، وزن دانه در بوته (SWP)، وزن چوب بلال (CDW) و طول برگ (LL) وضعیت ضعیف‌تری دارند (جدول ۳).

نسخه ۹/۴ انجام گرفت. وراثت‌پذیری خصوصی صفات با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد (Fehr 1991):

$$h_{ns}^2 = \frac{\sigma_A^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_e^2/r)}$$

که در آن σ_A^2 ، واریانس افزایشی، σ_e^2 ، واریانس خطا و r تعداد تکرار می‌باشد. واریانس افزایشی از محاسبه واریانس بین ارزش‌های اصلاحی برآورد شد. برای آزمون معنی‌داری وراثت‌پذیری خصوصی محاسبه شده، از t به صورت زیر استفاده شد. در ادامه t محاسبه شده با t جدول در سطح ۵ درصد و درجه آزادی $n-1$ مقایسه شد که n تعداد ژنوتیپ را نشان می‌دهد.

$$h_{ns}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2}$$

$$SE(h_{ns}^2) = \frac{SE(\sigma_A^2)}{\sigma_p^2} = \frac{\sqrt{\frac{2MS}{df+2}}}{\sigma_p^2} = \frac{\sqrt{\frac{2MS}{(n-1)+2}}}{\sigma_p^2}$$

$$MS = \frac{\sum_{i=1}^n (b_i - \bar{b})^2}{n-1}$$

در این فرمول b_i مقدار ارزش اصلاحی ژنوتیپ i ام می‌باشد.

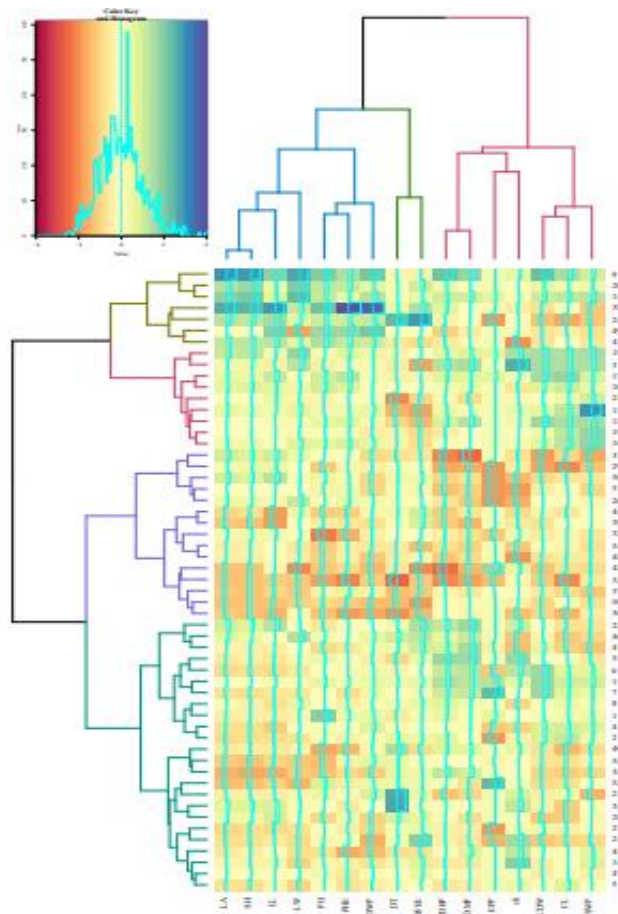
$$t = \frac{h_{ns}^2 - 0}{SE(h_{ns}^2)} = \frac{h_{ns}^2}{SE(h_{ns}^2)}$$

در نهایت به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس ارزش‌های اصلاحی و همچنین میانگین ارزش فنوتیپی صفات از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس Ward در نرم‌افزار R استفاده شد. مقایسه میانگین صفات مورفولوژیک بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش SNK در نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۶ انجام گرفت.

نتایج و بحث

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس میانگین صفات

تجزیه خوشه‌ای براساس ارزش‌های فنوتیپی صفات به روش حداقل واریانس WARD ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به ۴ گروه دسته‌بندی کرد (شکل ۱). ژنوتیپ‌هایی که در گروه اول قرار گرفتند در رابطه با اکثر صفات ارزش فنوتیپی بالایی داشتند. به عنوان نمونه ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) برای



شکل ۱- نمودار تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مختلف ذرت به روش Ward بر اساس ارزش فنوتیپی صفات آگرومورفولوژیک مورد مطالعه

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات آگرومورفولوژیک بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای

گروه	تعداد ژنوتیپ	PH	PHE	LW	LA	Sh	EPP	Ch	SWP
1	7	192.81 ^a	86.15 ^a	8.52 ^a	444.50 ^a	0.15 ^a	1.88 ^a	43.16 ^a	86.07 ^a
2	9	162.26 ^b	71.17 ^b	7.96 ^a	345.20 ^b	0.12 ^b	2.04 ^a	42.33 ^a	45.90 ^b
3	15	135.11 ^c	53.08 ^c	7.23 ^b	294.51 ^c	0.10 ^c	1.67 ^a	38.04 ^{ab}	45.47 ^b
4	24	152.32 ^b	55.76 ^c	7.14 ^b	293.69 ^c	0.10 ^c	1.91 ^a	35.11 ^b	31.16 ^b

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، SWP: وزن دانه در بوته.

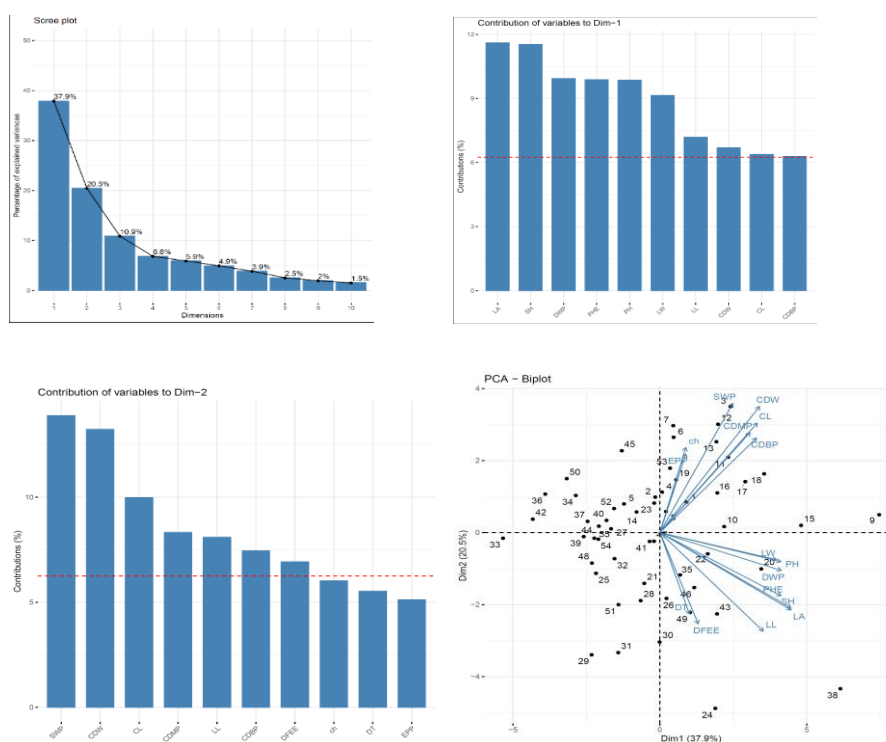
ادامه جدول ۳- مقایسه میانگین صفات آگرومورفولوژیک بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای

گروه	تعداد ژنوتیپ	CDW	CDBP	CDMP	CL	DWP	DT	DFEE
1	7	21.34 ^a	2.75 ^a	2.47 ^a	16.75 ^a	77.99 ^a	72.24 ^a	81.43 ^a
2	9	16.30 ^b	2.75 ^a	2.43 ^a	13.74 ^b	54.88 ^b	71.71 ^a	80.05 ^a
3	15	15.95 ^b	2.75 ^a	2.42 ^a	12.93 ^{bc}	51.85 ^b	64.40 ^b	75.31 ^b
4	24	11.04 ^c	2.30 ^b	2.01 ^b	11.50 ^c	41.84 ^c	63.08 ^b	73.68 ^b

CDW: وزن چوب بلال، CDBP: قطر ابتدای چوب بلال، CDMP: قطر وسط چوب بلال، CL: طول چوب بلال، DWP: وزن خشک بوته، DT: تاریخ ظهور گل نر، DFEE: تاریخ ظهور بلال اول

ضریب همبستگی بین هر کدام از صفات با بقیه صفات نیز کمک می‌کند. بر این اساس صفات در دو گروه قرار گرفتند. در گروه اول صفت میزان کلروفیل، تعداد بلال، وزن دانه در بوته و ویژگی‌های بلال هستند که با هم همبستگی همسو دارند. در گروه دوم صفات ارتفاع بوته، ارتفاع بوته تا بلال، طول برگ، عرض برگ، نسبت سطح برگ، شاخص سطح برگ، طول چوب بلال، وزن خشک بوته، تاریخ ظهور گل نر، تاریخ ظهور بلال اول، تاریخ ظهور بلال دوم قرار گرفتند که با همبستگی همسو دارند. همبستگی صفات گروه اول با صفات گروه دوم همسو نیست. از نظر مؤلفه اول ژنوتیپ‌های شماره ۹ و ۱۵ وضعیت مطلوب‌تری دارند. از لحاظ مؤلفه دوم ژنوتیپ‌های شماره ۶ و ۷ وضعیت مطلوب‌تری دارند. ژنوتیپ‌های شماره ۱۱، ۱۲، ۱۳، ۱۶، ۱۷ و ۱۸ از لحاظ هر دو مؤلفه وضعیت مطلوب‌تری دارند. در نقطه مقابل ژنوتیپ‌های شماره ۲۹، ۳۱ و ۵۱ از لحاظ هر دو مؤلفه وضعیت نامطلوب دارند. با توجه به دور بودن این دو گروه از ژنوتیپ‌ها از هم، تلاقی این‌ها می‌تواند منجر به تنوع و هتروزیس بیشتر در صفات شود.

براساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اول و دوم به ترتیب ۳۷/۹ و ۲۰/۵ درصد و در مجموع ۵۸/۴ درصد از واریانس مربوط به تغییرات فنوتیپی صفات را توجیه نمودند (شکل ۲). در مؤلفه اصلی اول صفات نسبت سطح برگ، شاخص سطح برگ، وزن خشک بوته، ارتفاع بوته تا بلال، ارتفاع بوته بیشترین تأثیر مثبت را داشتند. لذا گزینش بر اساس مؤلفه اصلی اول می‌تواند به افزایش بیشتر این صفات نسبت به بقیه منجر شود (شکل ۲). در مؤلفه اصلی دوم صفات وزن دانه در بوته، وزن چوب بلال، طول چوب بلال، قطر وسط چوب بلال، طول برگ، قطر ابتدای چوب بلال و تاریخ ظهور بلال اول بیشترین تأثیر مثبت را داشتند. لذا گزینش بر اساس مؤلفه اصلی دوم می‌تواند به افزایش بیشتر این صفات نسبت به بقیه منجر شود (شکل ۲). ترسیم پلات دوبعدی مشترک صفات و ژنوتیپ، ابزار تصویری قدرتمند در تشخیص ژنوتیپ‌هایی است که در یک یا چند صفت بالاترین ارزش را دارا هستند و همچنین اثرات متقابل ژنوتیپ و صفات را به صورت تصویر نمایان می‌سازد. رسم بردار صفات در پلات دو بعدی مؤلفه‌های اصلی اول و دوم، به تعیین و تفسیر



شکل ۲- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ژنوتیپ‌های ذرت بر اساس صفات آگرومورفولوژیک

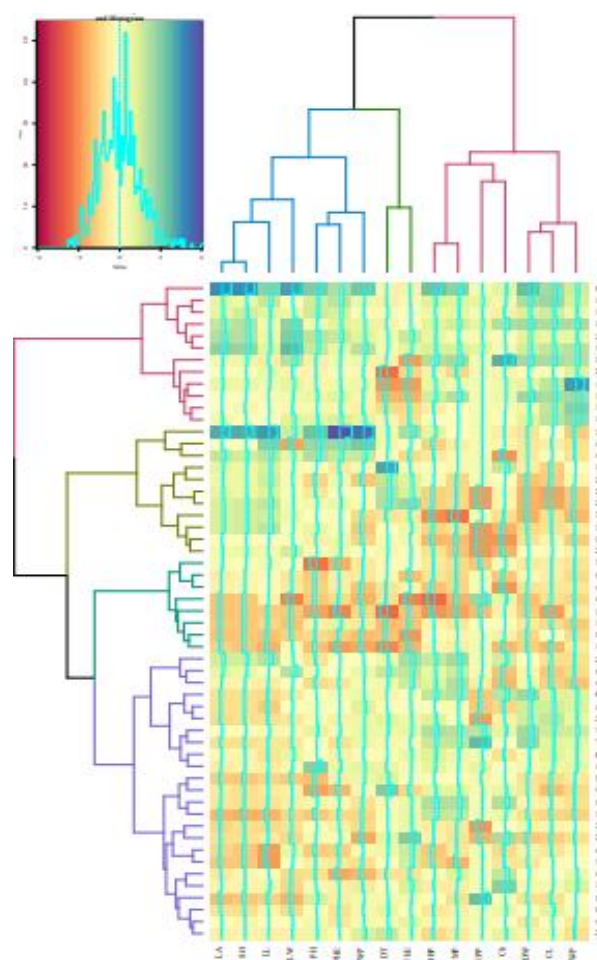
(۴/۹۳) دیده شد. ارزش اصلاحی معنی‌دار تلویحاً حاکی از نقش اثرات افزایشی در کنترل صفت است. در این راستا در مطالعه‌ای (Xiao et al. 2016) روی جمعیت‌های RILs، مشاهده شد که طول بلال توسط تعدادی QTL با اثرات کم تا متوسط کنترل می‌شود. در مطالعه ایشان، تعداد ۴۰ QTL برای طول بلال در ده جمعیت RIL شناسایی شدند و تقریباً ۷۰ درصد این QTLها دارای اثرات کم بودند. در جمعیت‌های RIL به علت خودگشتی‌های مکرر، افراد جمعیت در اکثر مکان‌های ژنی به خلوص می‌رسند، در حقیقت در این جمعیت‌ها دو فرم آلل در مکان‌های ژنی یکسان می‌شود، بنابراین با این جمعیت‌ها عمدتاً QTLهای با اثرات افزایشی شناسایی می‌شوند. بنابراین این مطالعه هم‌راستا با مطالعه حاضر نقش اثرات افزایشی در کنترل صفات را نشان می‌دهد. در رابطه با صفت وزن خشک بوته، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) (۴۲/۲۵) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 55-N-K3640/S (۱۷/۳۵) مشاهده شد. در رابطه با صفت ظهور بلال اول، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ R59 (Paternal) (۹/۳۲) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 1*/89 (Red cod corn) (۸/۷۷) مشاهده شد. در رابطه با صفت ظهور بلال دوم، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 1264/1 (۱۰/۸۷) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ P16L4 Kahia (۸/۹۹) مشاهده شد. در رابطه با صفت تاریخ ظهور گل نر، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 25*/89 (۱۱/۷۸) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 89-4* (۸/۲۳) مشاهده شد. با در نظر گرفتن مجموع ارزش‌های اصلاحی جمیع صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های P10L5، P16L6 Kahia، P10L7، P10L9 برترین رتبه را داشتند. ژنوتیپ‌های 89-4*، 48*1390، 55-N-K3640/S، 1*/89 (Red cod corn)، پایین‌ترین رتبه را بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه داشتند.

تجزیه خوشه‌ای بر پایه ارزش‌های اصلاحی به روش حداقل واریانس WARD نیز ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به ۴ گروه دسته‌بندی کرد (شکل ۳). در گروه اول ژنوتیپ‌هایی قرار داشتند که برای اکثر صفات ارزش اصلاحی بالا داشتند، به‌عنوان نمونه ژنوتیپ‌های P10L5 و P10L7 برای اکثر صفات ارزش اصلاحی بالا نشان دادند. در گروه دوم ژنوتیپ‌هایی قرار داشتند که برای

برآورد ارزش اصلاحی با استفاده از نشانگرهای SNP ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای صفات اندازه‌گیری شده، در جدول (۴) ارائه شده است. بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای ارتفاع بوته به‌ترتیب در ژنوتیپ P10L5 (۴۷/۸۷) و ژنوتیپ K1263-1388 (۵۵/۰۳-) مشاهده شد. برای صفت ارتفاع بوته تا بلال، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) (۵۹/۲۱) و ژنوتیپ 89-4 (۳۳/۳۹-) مشاهده شد. برای صفت طول برگ، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) (۲۲/۴۸) و ژنوتیپ 6*/88 (۱۵/۰۳-) دیده شد. برای صفت عرض برگ، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ P10L5 (۲/۲۱) و ژنوتیپ 48*1390 (۱/۸۶-) دیده شد. در رابطه با صفت نسبت سطح برگ، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (۲۰۴/۲۸) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 9/K1911 (۱۰۴/۸۹-) مشاهده شد. در صفت شاخص سطح برگ، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (۰/۰۷) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ MO17 (۰/۰۱-) دیده شد. در رابطه با صفت تعداد بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P11L7 (۱/۰۴) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ W37a (۰/۰۹-) دیده شد. در رابطه با صفت میزان کلروفیل، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P13L2 (۱۴/۱۱) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 138*/89 (۱۱/۰۴-) مشاهده شد. بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت وزن دانه در بوته به‌ترتیب در ژنوتیپ P16L4 Kahia (۵۷/۸۳) و ژنوتیپ ZK472221 (۳۸/۵۵-) مشاهده شد (جدول ۴). در رابطه با صفت وزن چوب بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (۱۰/۷۵) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ ZK472221 (۹/۵۹-) مشاهده شد. در رابطه با صفت قطر ابتدای چوب بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (۰/۵۵) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 48*1390 (۰/۶۶-) مشاهده شد. در رابطه با صفت قطر وسط چوب بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (۰/۴۵) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ ZK472221 (۰/۵۹-) دیده شد. در رابطه با صفت طول چوب بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P9L6 (۳/۷۰) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 89-4*

بالا و برای دیگر صفات ارزش اصلاحی پایین نشان دادند. به‌عنوان نمونه ژنوتیپ P11L7 برای صفات وزن چوب بلال و تعداد بلال و ژنوتیپ P11L6 برای صفات وزن چوب بلال، تعداد بلال، قطر وسط چوب بلال و قطر ابتدای چوب بلال ارزش اصلاحی بالا نشان دادند. ژنوتیپ 4/K1911 برای صفات ارتفاع بوته و ارتفاع بوته تا بلال ارزش اصلاحی پایین نشان داد. با توجه به اینکه در گروه‌بندی بر اساس ارزش اصلاحی تنها اثرات افزایشی دخیل می‌باشند لذا گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ارزش‌های اصلاحی برآورد شده بالقوه می‌تواند دقیق‌تر باشد. لازم است با انجام تلاقی بین ژنوتیپ‌ها از گروه‌های مختلف صحت این مساله بررسی شود.

برخی صفات ارزش اصلاحی بالا و برای برخی صفات ارزش اصلاحی پایین داشتند. برای نمونه ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) برای صفات ارتفاع بوته تا بلال، وزن خشک بوته و طول برگ ارزش اصلاحی بالا و ژنوتیپ ZK472221 برای صفات قطر وسط چوب بلال و قطر ابتدای چوب بلال ارزش اصلاحی پایین نشان دادند. ژنوتیپ‌هایی که در گروه سوم قرار داشتند برای اکثر صفات ارزش اصلاحی پایین نشان دادند به‌طوری‌که ژنوتیپ‌های 48*1390، 89-4*، 55-N-K3640/S و 1*89 (Red cob corn) که برای اکثر صفات ارزش اصلاحی پایین داشتند در این گروه قرار گرفتند. در گروه چهارم ژنوتیپ‌هایی قرار گرفتند که برای برخی صفات ارزش اصلاحی



شکل ۳- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف ذرت به روش Ward بر اساس ارزش اصلاحی صفات اگرومورفولوژیک مورد مطالعه

جدول ۴- برآوردهای ارزش اصلاحی برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های مختلف ذرت بر اساس نشانگرهای SNP

ردیف نام	PH	PHE	LL	LW	LA	sh	EPP	Ch	رتبه SWP	رتبه
P15 L16 Kahia	45.5108*	5.6441	-4.118	-0.32454	-40.478	-0.014928	0.23565	-0.499	27	38
P9L3 Kahia	5.5877	-7.3086	-6.8666	-0.59599	-66.679	-0.024516	-0.86743**	-2.1913	18	39
P13L2	-10.5445	2.207	-3.9764	1.02203	17.925	0.005547	0.07635	14.1054**	55	50
P6L1	4.4871	-2.4509	-9.0238	-0.17933	-60.434	-0.020236	-0.55884*	-5.6789	12	45
P19L3	-3.2975	-11.7179	-2.8428	-0.82312	-55.091	-0.016799	0.07891*	2.637	40	34
P14L1 Kahia	-2.1834	-4.289	-7.1864	-0.52969	-65.315	-0.021646	-0.56141*	7.1888	11	43
P11L7	-1.1556	-13.6615	-5.6969	-0.61363	-60.16	-0.018936	1.04192**	-0.5502	55	40
P14L2	1.8494	-7.2385	-5.9347	0.37779	-21.243	-0.007528	0.0724	-4.4192	27	36
P10L5	47.8695**	20.7405*	14.4148**	2.2139**	204.283**	0.068331**	0.08001	3.6132	42	48
P1L4 (Dialell- Karaj)	23.9135	11.9952	5.0413	0.28071	38.216	0.015315	0.07135	-2.9622	25	37
P11L6	15.966	2.4951	1.6066	-0.29104	-6.779	-0.002593	0.54793*	3.5359	52	47
P13L3	13.7392	10.4198	-2.0652	0.15863	-7.494	-0.002555	0.08184	2.1207	44	52
P16L4 Kahia	-7.0884	3.8612	2.0884	0.45654	30.239	0.010007	0.07234	2.1122	26	55
P19L5 Kahia	-6.642	-7.7291	2.66	-0.86462	-30.488	-0.010363	0.08341	10.5275*	45	44
P16L6 Kahia	26.662	7.194	5.1704	1.91101**	122.548**	0.042402**	0.23423	1.2787	48	49
P15L4	15.9464	12.0435	-1.2874	0.59105	16.717	0.004733	0.06753	-0.991	24	53
P9L6	22.3912	18.259	8.6036	-0.17173	35.776	0.012912	0.26103	1.8223	51	46
P10L7	6.685	10.3933	2.0334	1.42697	75.852	0.026875	0.23853	8.1804*	50	51
P16L12 Kahia	4.7122	2.63	0.4799	-0.29709	-14.145	-0.005693	0.08007	0.7206	43	54
P10L9	29.7325	15.975	3.0262	1.56976	90.749*	0.03272*	0.07727	-0.8884	37	41
MO17	11.0609	-3.0029	-3.4563	-0.40743	-35.35	-0.009344	0.03686	3.3994	16	17
OH43/1-42	-16.3418	-0.4331	10.7349*	0.01056	59.459	0.019572	0.07639	5.191	36	18
K615/1	-7.6434	-0.0072	3.4145	-0.37574	-1.907	-0.001107	0.0748	-1.8929	32	42
B73	8.4053	6.3328	8.911	0.08884	52.798	0.017933	-0.85673**	-1.7055	6	4
R59 (Paternal)	-6.7303	0.8459	-4.6826	-0.87108	-64.095	-0.020145	-0.70883*	8.5766*	8	14
W37a	2.8357	5.4212	-2.7998	0.70065	15.125	0.005726	-0.89724**	-8.7788*	1	27
R319	2.1682	-8.2758	-7.5058	-0.65613	-73.175	-0.023899	-0.89367**	-0.0407	2	29
R=59	-23.1655	3.3527	7.5173	-0.32043	-32.182	0.008051	0.05185	-0.3166	19	28
B73(RFC or CMS)	-15.1524	-0.1683	5.7851	0.05458	36.181	0.012679	-0.85566**	-1.9082	7	3
1264/ 1	13.5412	1.7359	10.106*	0.04426	57.084	0.01934	-0.87807**	-8.6448*	4	22
ZK472221	-1.5034	0.6879	7.5455	0.28605	55.395	0.017379	0.04652	-4.7145	17	1
K1263-1388	-55.0299**	-25.3269**	2.4492	-0.01438	12.063	0.004931	-0.56638*	1.4097	10	19
89-4*	-41.2634*	-33.386**	-9.0358	-1.06061	-94.522*	-0.031179*	-0.63884*	-2.0153	9	24
9/K1911	-29.2043	-14.1176	-12.4017*	-0.91352	-104.89*	-0.035645*	0.05911	2.3324	21	8
25*/89	-2.7004	-9.328	6.5686	0.05656	39.579	0.013153	0.07732	6.5402	38	32
55-N- K3640/S	-31.3896	-28.6542**	-12.1745	-0.31519	-81.377	-0.027877	0.05035	-8.0408	18	23
20*1399	-10.4075	8.6853	-7.8049	-1.14811*	-91.406*	-0.028647*	-0.08428	-0.1479	15	5
S2/QPM/SUKMA(Indonesia)	53.2456**	59.2106**	22.4798**	0.79354	178.026**	0.060358	0.074	-2.9763	31	6
6*/88	-11.6273	-10.9112	-15.0303**	-0.13431	-91.82*	-0.032126*	0.0839	-3.6617	47	31
4/K1911	-41.2127*	-22.6184*	-4.6102	-0.42921	-45.526	-0.015335	0.0734	2.9763	28	11
66*1388	-21.8909	-11.2871	-3.9012	-0.13916	-28.552	-0.011211	-0.23853	-8.1498*	13	2
48*1390	-29.4065	-14.3802	-2.61	-1.85723**	-98.011*	-0.031858*	0.70665*	3.0802	53	9
K18-B/1392(Indonesia-Colombia)	34.4147*	15.6182	10.0042	0.40148	77.271	0.023193	0.0656	-10.7995*	23	20
7/K1911	-27.1921	-17.3637	-15.0146**	0.36013	-74.001	-0.025255	0.07561	-5.1682	34	30

35	4.2757	49	6.7917	33	0.07541	22	-0.014005	19	-46.969	12	-0.78661	29	-1.5766	3	-26.6274**	14	-19.0665	23*89	45
10	-27.074*	8	-7.3681	39	0.07839	41	0.011351	44	38.299	51	1.04979	31	-1.3474	27	-2.8037	38	7.9273	70*1388	46
25	-18.6363	31	-0.0142	20	0.05238	29	-0.005044	28	-15.072	33	-0.10857	30	-1.5446	14	-10.6235	37	7.1634	10/K 19/1	47
21	-20.8428	1	-11.0375*	29	0.07344	24	-0.010911	23	-35.84	17	-0.55126	27	-1.8166	19	-7.8366	10	-24.5287	138*/89	48
15	-25.1102*	23	-1.5153	41	0.07946	31	-0.004411	31	-11.254	2	-1.54558**	54	14.634**	54	24.4466*	52	40.6205*	K19*/1392 (Isolate)	49
12	-26.1607*	17	-2.36	46	0.08352	2	-0.034093*	4	-96.16*	7	-0.92583	5	-10.4033*	7	-17.0772	13	-20.6468	1*/89 (Red cob corn)	50
7	-31.1355**	2	-10.8213*	3	-0.87849**	30	-0.004419	30	-13.488	28	-0.19547	33	-0.4832	40	4.6838	20	-9.2333	Popcorn-53 or 54 (Linear)	51
33	-7.7993	34	0.7331	54	0.99862**	5	-0.03159*	2	-102.245*	3	-1.32213*	8	-8.3365	18	-8.1155	46	20.5254	172*/89	52
16	-24.4025*	51	7.7615	30	0.07353	17	-0.018329	18	-53.431	19	-0.50508	15	-5.9042	25	-4.2669	40	9.0702	8/K1911	53
13	-25.6783*	9	-7.1046	22	0.06352	21	-0.014359	22	-38.966	14	-0.6202	28	-1.6128	16	-8.6725	8	-27.3897	67*/88	54
26	-18.373	32	0.1679	14	-0.18153	7	-0.028776	8	-82.621	6	-0.98559	10	-7.6529	21	-7.388	4	-32.1643	36-N/M-K3653/2	55
0.806388		0.713108		0.899024		0.900688		0.902431		0.808192		0.93864		0.937276		0.93136		وراثت پذیری خصوصی	

*: معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد، **: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد، 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، SWP: وزن دانه در بوته، CDW: وزن چوب بلال، CDBP: قطر ابتدای چوب بلال، CDMP: قطر وسط چوب بلال، CL: طول چوب بلال، DWP: وزن خشک بوته، DT: تاریخ ظهور گل نر، DFEE: تاریخ ظهور بلال اول، DSEE: تاریخ ظهور بلال دوم. رتبه‌بندی از کمترین به بیشترین مقدار ارزش اصلاحی بوده است.

ادامه جدول ۸- برآوردهای ارزش اصلاحی برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های مختلف ذرت بر اساس نشانگرهای SNP

ردیف	نام	CDW	رتبه	CDBP	رتبه	CDMP	رتبه	CL	رتبه	DWP	رتبه	DT	رتبه	DFEE	رتبه	DSEE	رتبه	جمع رتبه‌ها
1	P15 L16 Kahia	0.6052	37	0.12546	38	0.04503	35	0.88147	37	9.3986	46	-0.655	13	1.14604	32	0.4354	28	558
2	P9L3 Kahia	4.0205	46	0.17701	45	0.03965	34	2.61288*	49	6.9829	38	4.0628	38	2.07493	47	-0.7329	22	487
3	P13L2	7.0775	49	0.33656*	52	0.38044*	53	3.32594**	51	6.8027	36	-0.2848	36	-8.26102*	15	-3.09	17	615
4	P6L1	3.6492	45	0.0029	32	0.03844	33	2.0666	43	12.1436	49	0.7098	26	0.3999	26	0.596	30	481
5	P19I3	-1.5857	34	-0.18802	15	-0.11344	24	-1.48997	41	-1.2958	21	-0.10305	45	-0.10305	25	-3.1865	15	440
6	P14L1 Kahia	7.604**	53	0.28046	50	0.3295*	49	1.59394	42	6.8772	37	0.0377	17	-0.27474	17	-3.5319	14	497
7	P11L7	7.5875**	52	0.25055	49	0.29236	47	1.44928	40	7.7407	40	0.2918	20	-1.1239	20	-1.8825	19	511
8	P14L2	0.123	36	0.17158	44	0.09196	38	1.37432	39	0.4391	27	1.8169	29	2.51022	39	-1.3745	21	514
9	P10L5	10.7548**	55	0.54525**	55	0.44654**	55	3.51174**	54	27.4651**	54	0.1461	19	-1.839	17	-1.5681	20	790
10	P1L4 (Dialell- Karaj)	3.2447	44	0.07295	34	0.13336	39	2.1101	45	3.8562	30	2.3175	35	0.08668	27	0.1297	26	625
11	P11L6	7.2954**	51	0.34563	53	0.31989*	48	2.10347	44	8.0346	42	3.0443	44	2.84729	44	0.5523	29	704
12	P13L3	7.7005**	54	0.21571*	47	0.3491*	50	3.42411**	53	-0.9364	22	-4.2186	22	-6.95043*	5	-6.8887	3	595
13	P16L4 Kahia	2.2107	41	0.10791	36	0.06602	37	2.58024*	46	8.063	43	-5.9689*	43	-8.40942*	4	-8.9853*	1	554
14	P19L5 Kahia	-2.8912	27	-0.15079	20	-0.1317	21	-0.39544	35	-3.9544	17	-0.6974	25	4.15835	25	10.1302**	53	529
15	P16L6 Kahia	4.0317	47	0.19678	46	0.21342	43	2.58089*	47	18.0261*	52	2.283	33	2.94333	33	1.9032	33	771
16	P15L4	2.5574	42	-0.04161	29	0.00568	32	2.73198*	50	9.5304	47	0.039	18	-3.75095	14	-3.6602	13	590
17	P9L6	6.8223*	48	0.16608	42	0.16247	40	3.70438**	55	7.5496	39	-0.1511	16	-1.1381	20	3.9893	39	694
18	P10L7	7.2084**	50	0.16161	41	0.22024	44	3.37481**	52	8.7999	45	-0.3003	14	0.05038	26	5.1958	42	738
19	P16L12 Kahia	0.9674	38	-0.15695	19	-0.01876	29	2.58252*	48	-2.3467	20	-1.9976	8	-4.09382	12	5.5542	43	535
20	P10L9	2.7841	43	0.11666	37	0.04519	36	1.00327	38	10.3212	48	2.4581	38	5.19213	38	9.1595	52	743
21	MO17	-2.8709	28	-0.25874	12	-0.15118	20	0.38318	36	12.8099	50	5.6438	50	1.71559	34	4.7922	40	507
22	OH43/1-42	-1.6696	32	0.24543	48	0.39056*	54	-2.29808	16	1.4241	28	2.907	43	7.29648*	43	8.9079*	51	655
23	K615/1	-1.9515	31	-0.13504	22	-0.23596	10	0.12434	34	0.1015	26	-7.8898**	26	-4.39735	2	-6.0765	5	418
24	B73	-9.0995**	3	-0.28567	10	-0.2189	12	-4.47512**	3	4.6543	32	6.8461**	53	7.88269*	54	3.4362	37	499

386	44	5.6166	55	9.32032**	46	3.7674	2	-17.046*	10	-2.79525*	16	-0.19348	21	-0.14369	6	-7.6204**	R59 (Paternal)	25
460	32	0.6741	31	0.41645	36	2.3796	29	3.2962	29	-0.57241	6	-0.32403*	13	-0.22063	33	-1.6327	W37a	26
362	27	0.3713	37	2.3138	30	1.9314	13	-7.419	25	-1.19612	17	-0.17119	18	-0.16067	39	1.0157	R319	27
438	18	-2.4449	44	3.695	51	6.0368*	7	-11.4551	7	-3.03574*	8	-0.2444	26	-0.08877	5	-7.7051**	R=59	28
430	38	3.5134	46	4.34766	52	6.6379*	31	4.3984	2	-4.54578**	9	-0.2399	9	-0.30212	2	-9.2075**	B73(RFC or CMS)	29
471	55	10.9811**	38	2.32323	27	0.9475	8	-11.3096	18	-2.0338	14	-0.20696	11	-0.2774	10	-5.6216*	1264/ 1	30
354	23	-0.696	16	-2.58482	10	-1.5568	12	-7.7697	17	-2.25313	1	-0.58697**	2	-0.55244**	1	-9.5907**	ZK472221	31
376	24	-0.5412	23	-0.43418	24	0.6312	18	-3.7738	22	-1.47833	13	-0.21863	16	-0.18299	23	-3.9449	K1263-1388	32
115	6	-5.9156	9	-5.75314	1	-8.2308**	9	-9.0491	1	-4.92686**	2	-0.44261*	3	-0.53284**	7	-6.8637*	89-4*	33
346	49	7.2314*	36	2.28662	32	2.1906	11	-8.3972	11	-2.73915*	46	0.27189	51	0.28845	12	-5.2476*	9/K1911	34
525	4	-6.5152	22	-1.05882	55	11.7788**	24	-0.3438	8	-2.94027*	27	-0.07075	30	-0.0113	24	-3.761	25*/89	35
181	9	-5.0253	6	-6.88302*	3	-6.7709*	1	-17.3513*	4	-3.86655**	23	-0.1195	25	-0.10778	8	-6.4226*	55-N- K3640/S	36
259	8	-5.038	8	-5.77943*	6	-3.7843	19	-3.6359	13	-2.53379*	19	-0.16509	23	-0.11398	22	-4.1944	20*1399	37
679	41	5.0999	52	7.08009*	42	2.9021	55	42.2489**	31	-0.30117	31	-0.01666	39	0.13088	14	-4.879	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	38
348	34	1.9447	47	4.59235	28	1.4423	14	-6.8189	33	-0.24133	3	-0.3938*	7	-0.30985	18	-4.5236	6*/88	39
370	11	-4.0328	11	-4.2546	54	8.8408**	25	-0.1869	5	-3.61015**	41	0.16456	40	0.14091	17	-4.7221	4/K1911	40
460	48	7.038	49	5.07176	40	2.7423	33	4.958	9	-2.80101*	52	0.35099*	43	0.16619	40	1.4607	66*1388	41
201	12	-3.725	1	-9.75957**	9	-1.6508	3	-15.4571	15	-2.33888*	4	-0.38906*	1	-0.65764**	4	-7.7205**	48*1390	42
569	46	6.3425	13	-3.99513	23	0.559	51	14.9859	27	-0.65093	28	-0.06628	17	-0.17363	21	-4.2165	K18-B /1392 (Indonesia-Colombia)	43
371	36	3.3172	48	4.86571	41	2.754	23	-0.5169	19	-1.92294	18	-0.1681	6	-0.33167	25	-3.4626	7/K1911	44
399	10	-4.4736	15	-3.16616	12	-1.3591	4	-13.7834	32	-0.27942	42	0.17893	33	0.01393	35	-0.6778	23*89	45
596	54	10.2151**	51	5.73869	49	5.5232*	41	8.0263	6	-3.27224**	45	0.24831	35	0.10617	26	-2.9483	70*1388	46
502	47	6.3917	43	3.05761	34	2.3123	34	5.5583	28	-0.60929	25	-0.08673	24	-0.10923	20	-4.411	10/K 19/1	47
286	35	2.1411	18	-1.40797	11	-1.4488	6	-11.9487	20	-1.81535	7	-0.24841	5	-0.37145*	13	-5.1328*	138*/89	48
512	16	-3.1055	28	0.21942	39	2.6011	53	26.2715**	24	-1.43227	22	-0.12263	8	-0.30355	19	-4.4727	K19*/1392 (Isolate)	49
226	7	-5.682	2	-8.77299*	7	-3.6702	5	-13.3838	30	-0.32584	26	-0.07918	27	-0.07845	9	-6.3227*	1*/89 (Red cob corn)	50
335	31	0.6277	19	-1.37155	31	2.1632	10	-8.8663	26	-1.12978	5	-0.33791*	4	-0.41322*	16	-4.7381	Popcorn-53 or 54 (Linear)	51
424	45	5.7347	33	1.62756	37	2.4079	35	5.8221	14	-2.36884	15	-0.20305	31	-0.00385	11	-5.2633*	172*/89	52
512	50	7.8238*	40	2.51535	21	0.3805	15	-5.5687	21	-1.56504	51	0.35077*	54	0.34831*	29	-2.6707	8/K1911	53
278	2	-7.5952*	7	-6.17499	22	0.4548	16	-4.1741	23	-1.45019	11	-0.23579	14	-0.21366	30	-2.2442	67*/88	54
359	25	-0.0974	29	0.3626	48	4.236	44	8.2564	12	-2.54101*	30	-0.01828	28	-0.06768	15	-4.7671	36-N/M-K3653/2	55
0.793034		0.834538		0.220139		0.638394		0.810701		0.699826		0.683308		0.829369		وراثت پذیری خصوصی		

*: معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد، **: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد، 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، SWP: وزن دانه در بوته، CDW: وزن چوب بلال، CDBP: قطر ابتدای چوب بلال، CDMP: قطر وسط چوب بلال، CL: طول چوب بلال، DWP: وزن خشک بوته، DT: تاریخ ظهور گل نر، DFEE: تاریخ ظهور بلال اول، DSEE: تاریخ ظهور بلال دوم. رتبه‌بندی از کمترین به بیشترین مقدار ارزش اصلاحی بوده است.

خصوصی برآورد شده برای صفات مورد مطالعه در محدود ۰/۲۲ تا ۰/۹۴ بود. اکثر صفات از جمله صفات طول برگ بلال و ارتفاع بوته تا بلال و ارتفاع بوته وراثت‌پذیری بالایی داشتند و بنابراین اعتماد به برآوردهای ارزش اصلاحی در این صفات در مقایسه با سایر صفات مورد مطالعه بیشتر بوده و می‌توان استنباط نمود که این صفات بیشتر تحت کنترل اثر افزایشی ژن‌ها هستند. در مقابل صفت تاریخ ظهور گل نر وراثت‌پذیری پایینی داشت.

نتیجه‌گیری کلی

ژنوتیپ P10L5 دارای ارزش اصلاحی بالا برای صفات عرض برگ، شاخص سطح برگ، قطر ابتدای چوب بلال، قطر وسط چوب بلال، وزن چوب بلال و ارتفاع بوته بود. ژنوتیپ P16L4 Kahia دارای ارزش اصلاحی بالا برای صفت وزن دانه در بوته بلال و ژنوتیپ P9L6 دارای ارزش اصلاحی بالا برای صفات تعداد بلال و طول چوب بلال بود. ژنوتیپ‌هایی همچون P10L5، P16L6 Kahia، P10L7، P10L9 با بالاترین ارزش اصلاحی، بالاترین توان در انتقال صفات به نتاج را دارند. با توجه به هدف اصلی اصلاح‌گران که ایجاد بهترین ترکیب صفات در یک فرد می‌باشد؛ این ژنوتیپ‌ها می‌توانند بالقوه به‌عنوان والد مناسب برای برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند.

در فرآیند گزینش، موفقیت در تغییر ویژگی‌های جمعیت از طریق میزان انطباق بین مقادیر فنوتیپی و ژنوتیپی قابل پیش‌بینی است. اندازه‌گیری این میزان از انطباق از طریق محاسبه وراثت‌پذیری انجام می‌شود (Falconer et al. 1996) که به دو نوع وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی تقسیم می‌شود (Farshadfar 1998). وراثت‌پذیری عمومی $(h_b^2 = \frac{V_A+V_D+V_I}{V_E+V_{GE}+V_A+V_D+V_I})$ بالا نشان‌دهنده نقش بالای واریانس ژنتیکی (افزایشی + غیر افزایشی) و وراثت‌پذیری خصوصی $(h_n^2 = \frac{V_A}{V_E+V_{GE}+V_A+V_D+V_I})$ بالا نشان‌دهنده نقش بالای واریانس ژنتیکی از نوع افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت مورد نظر است (Fehr 1991). برآورد بالای اپستازی و غالبیت (غیر افزایشی) توجه به تولید بذر هیبرید و برعکس برآورد زیاد آثار افزایشی کاربرد روش‌های مختلف گزینش را به‌عنوان روش اصلی اصلاح یک صفت نشان می‌دهد. هر چه عمل افزایشی برای صفات مورد نظر بیشتر باشد پاسخ به گزینش فنوتیپی و بازده گزینش بیشتر خواهد بود (Ehdaie et al. 1975). از طرفی با توجه به تحقیقات انجام شده صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی صفات با وراثت‌پذیری بالا نسبت به صفات با وراثت‌پذیری پایین بیشتر است (Villumsen et al. 2009)؛ زیرا هرچه وراثت‌پذیری صفت بیشتر باشد، فنوتیپ فرد به ارزش ژنتیکی فرد نزدیک‌تر بوده و در نتیجه ارزش اصلاحی افراد به‌طور دقیق‌تری برآورد می‌شود (Piepho et al. 2008). وراثت‌پذیری

منابع

Alqudah AM, Salam A, Baenziger PS, Börner A (2020) Fast-forwarding gene identification and characterization in temperate Cereals: lessons from Barley. *J Advanced Research* 1:119-135.
Bernardo R (1994) Prediction of maize single-cross performance using rflps and information from related hybrids. *Crop Science* 34:20-25.
Bauer AM, Reetz TC, Léon J (2006) Estimation of breeding values of inbred lines using best linear unbiased prediction (blup) and genetic similarities. *Crop Science* 46:2685-2691.
Bradbury PJ, Zhang Z, Kroon DE, Casstevens TM, Ramdoss Y, Buckler ES (2007) TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics* 1:2633-2635.
Bernardo R (2010) Breeding for Quantitative Traits in Plants. Stemma Press, Woodbury, New York, USA.

Coulter JA, Nafziger ED, Janssen MR, Pedersen P (2010) Response of Bt and near isoline corn hybrids to plant density. *J Agronomy* 102:103-111.
Ehdaei B, Ghadri A (1975) Diallel Method and Using in Plant Breeding. University of JundiShapur Press. Ahvaz, IR (In Persian).
Falconer DS, Mackay TFC (1996) Introduction to quantitative genetics. Pearson, Harlow, UK.
Farshadfar E (1998) Application of quantitative genetics in plant breeding. Razi University Press (In Persian).
Fehr W (1991) Principles of Cultivar Development: Theory and Technique. Macmillan Publishing, Equitable Building; New York, USA
Fresnedo-Ramirez J, Frett TJ, Sandefur PJ, Salgado AA, Clark JR, Gasic K, Peace C, Anderson N, Hartmann TP, Byrne DH, Bink M, Van de Weg E, Crisosto CH, Gradziel TM (2016) QTL mapping and breeding value estimation through pedigree-based analysis of fruit size and weight in

four diverse peach breeding programs. *Tree Genetics and Genomes* 12:25.

Hamblin MT, Warburton ML, Buckler ES (2007) Empirical comparison of simple sequence repeats and single nucleotide polymorphisms in assessment of maize diversity and relatedness. *PloS ONE* 2:e1367.

Henderson C (1990) Statistical methods in animal improvement: Historical overview. *Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock*. Springer 2-14.

Meyer K (2007) WOMBAT-A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J Zhejiang University Science B* 8:815-821.

Khalili M, Moghaddam M, Kazemi Arbat H, Shakiba MR, Kanooni H, Choghan R (2010) Effect of drought stress on different maize genotypes. *Journal of Agricultural Science and Sustainable* 20:67-84.

Nuss ET, Tanumihardjo SA, (2010) Maize: a paramount staple crop in the context of global nutrition. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 9:417-436.

Patterson HD, Thompson R (1971) Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58:545-554.

Piepho H, Möhring J, Melchinger A, Büchse A (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161:209-228.

Razi M, Darvishzadeh R, Doulati Baneh H, Amiri M, Martinez-Gomez P (2021) Estimating breeding value of pomological traits in grape cultivars based on REMAP molecular markers. *Journal of Plant Productions* 44:515-530. (In Persian).

Razi M, Darvishzadeh R, Doulati Baneh H, Amiri M, Martinez-Gomez P (2020) Estimating the breeding value of some pomological traits in grape cultivars of West Azarbaijan using ISSR markers. *Pomology Research* 5:126-138. (In Persian).

Saghai-Marouf MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allard RW (1984) Ribosomal DNA spacer-length polymorphism in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci* 81:8014-8018.

Searle SR, Casella G, McCulloch CE (2009) *Variance Components*. John Wiley and Sons, New Jersey, USA.

Semagn K, Bjørnstad Å, Xu Y (2010) The genetic dissection of quantitative traits in crops. *Electronic Journal of Biotechnology* 13:16-17.

Semagn K, Babu R, Hearne S, Olsen M (2014) Single nucleotide polymorphism genotyping using Kompetitive Allele Specific PCR (KASP): overview of the technology and its application in crop improvement. *Molecular Breeding* 33:1-14.

Sadeghi F, and Rahimi M (2017) The use of cluster analysis for best lines selection in Maize at S6 generation. *Journal of Crop Breeding* 8:91-98.

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* 7:103-126.

Shiferaw B, Prasanna B, Hellin J (2011) Crops that feed the world 6. Past successes and future challenges to the role played by maize in global food security. *Food Secur* 3:307-327.

Unterseer S, Bauer E, Haberer G, Seidel M, Knaak C, Ouzunova M, Meitinger T, Strom TM, Fries R, Pausch H, Bertani C (2014) A powerful tool for genome analysis in maize: development and evaluation of the high density 600 k SNP genotyping array. *BMC Genomics* 15:1-15.

Villumsen TM, Janss L (2009) Bayesian genomic selection: the effect of haplotype length and priors. *BMC Proceedings* 3:S11.