ژنتیک نوین
دوره هفدهم، شماره ۳، پاییز ۱۴۰۱
صفحه ۳۵۰ - ۳۳۷

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 E[1], Darvishzadeh R*[2], Fayaz Moghaddam A[2]

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 انتخابِ 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. وراث‌پذیری خصوصی برآورد شده برای صفات مورد مطالعه در محدود 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 اگروبیولوژیک
مدل خطی مخلوط
نشانگرهای مولکولی
وراثت‌پذیری

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

مقدمه

ذرت (*Zea mays* L.) گیاهی یکساله، یک‌پایه، دگرگشن، دیپلوئید (۲n=۲۰) 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 ٦٠٪ ذرت دنیا را تولید می‌کنند (Nuss et al. 2010). دانه ذرت حاوی ٤٪ لیپید، ٦/٨ تا ١٢٪ پروتئین و ٧٢ تا ٧٤٪ 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 SNP[1] (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 نااُریب خطی (BLUP)[2] و بر اساس شجره افراد انجام می‌گیرد (Meyer 2007). در اینجا شجرهٔ افراد برای محاسبه ماتریس ضرایب همخونی یا ماتریسِ 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 نااریب 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 در 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 ارایه شده است. در پژوهشی با استفاده نشانگرهای مولکولی مبتنی بر رتروترنسپوزون‌ها و هچنین ISSR، ارزش اصلاحی صفات پومولوژیک انگور با بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) برآورد شد (Razi et al. 2020, 2021). در پژوهشی دیگر با بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) و با استفاده از نشانگرهای مولکولی SSR برای محاسبهٔ 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 نااریب 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

[1] Single nucleotide polymorphisms
[2] Best linear unbiased prediction

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

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 ٤٥ درجه و ٤ ثانیه و عرض جغرافیایی ۳۷ درجه و ۳۲ ثانیه و ارتفاع ۱۳۲۰ متر از سطح دریا در گلدان‌های بزرگ با ارتفاع ٢٦ سانتی‌متر و قطر دهانه ۳۰ سانتی‌متر با زهکشی مناسب و با ترکیب ۱ ماسه و ۲ خاک (جدول۲) در قالب طرح پایه بلوک کامل تصادفی با ٦ تکرار کشت شدند. داخل هر گلدان دو بذر کشت شد؛ در مرحله ٤ برگی فقط یک گیاه نگهداری گردید. برای زهکشی مناسب در ته گلدان روی سوراخ‌هایِ از قبل تعبیه شده، سنگ‌ریزه ریخته شده و بعد خاک اضافه شد. با توجه به تعداد زیاد لاین‌های مورد مطالعه، بزرگ بودن فضای آزمایش و تعداد زیاد صفات مورد ارزیابی و به‌تبع 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 ٤ برگی رسیدند، آبیاری به‌صورت 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 نر (روز)، تاریخ ظهور بلال اول (روز)، تاریخ ظهور بلال دوم (سانتی‌متر) اندازه‌گیری شدند (Khalili et al. 2010).

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	P19l3	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

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

جدول ۲- نتایج تجزیهٔ خاک مورد استفاده در مطالعه حاضر

pH	EC	OC	OM	CaCO3	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.

پس از کشت ژنوتیپ‌های ذرت، نمونه‌های برگ از هر ژنوتیپ در مرحله چهار برگی انتخاب و سپس DNA ژنومی با روش CTAB استخراج شد (Saghai-Maroof 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 Affymetrix® Maize 600K genotyping array (Unterseer et al. 2014) انجام شد. پس از انجام توالی‌یابیِ نمونه‌ها براساس آرایه Affymetrix® Maize 600K توسط شرکت، SNPهای دارای فراوانی آلل جزئی کمتر از ۱۰ درصد حذف شد و در نهایت تعداد ٤٤٩٩٢٩ 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 ۹/٤ 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 نااُریب خطی در قالب مدل خطی مخلوط در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/٤ 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 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 نااُریب خطی (BLUE) و اثرات تصادفی از طریق بهترین پیش‌بینی نااُریب خطی (BLUE) برآورد می‌شوند. اجزای واریانس (G و R) 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:

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

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

که در آن؛ A یک ماتریسِ t×t (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 ماتریسِ n×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 به‌ترتیب واریانس ژنتیکی و واریانس باقی‌مانده هستند. برای انجام محاسبات (برآورد ارزش‌های اصلاحی صفات)؛ از ارزش صفاتِ 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

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

نسخه ۹/٤ انجام گرفت. وراثت‌پذیری خصوصی صفات با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد (Fehr 1991):

$$h^2_{ns} = \frac{\delta^2_A}{\left(\delta^2_g + {}^{\delta^2_e}/_{r}\right)}$$

که در آن δ^2_A، واریانس افزایشی، δ^2_e، 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 به‌صورت 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.

$$h^2_{ns} = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_P}$$

$$SE(h^2_{ns}) = \frac{SE(\sigma^2_A)}{\sigma^2_P} = \frac{\sqrt{\frac{2MS}{df+2}}}{\sigma^2_P} = \frac{\sqrt{\frac{2MS}{(n-1)+2}}}{\sigma^2_P}$$

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

در این فرمول b_i مقدار ارزش اصلاحی ژنوتیپ iام می‌باشد.

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

در نهایت به‌منظور 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 ۲٦ انجام گرفت.

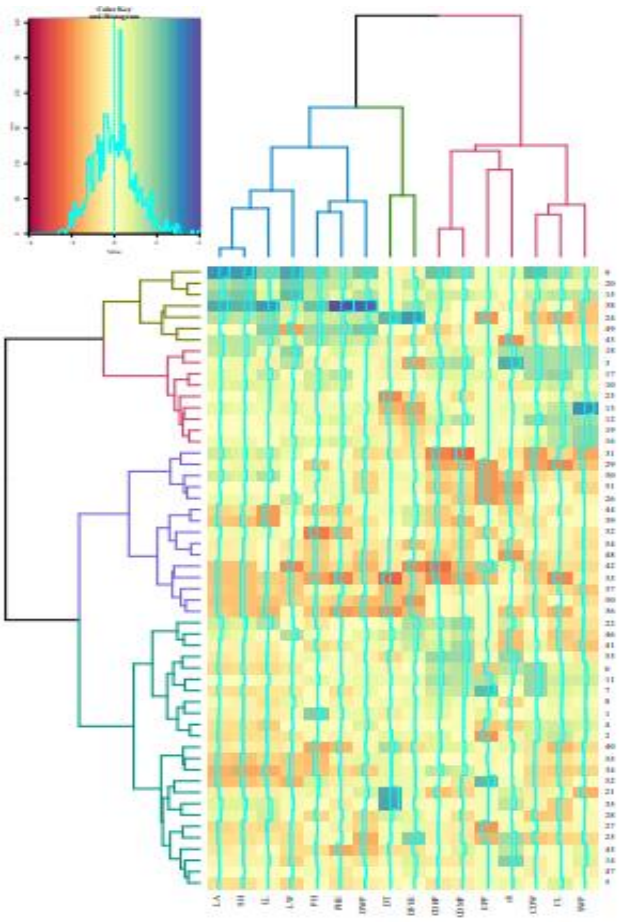
نتایج و بحث

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس میانگین صفات

تجزیه خوشه‌ای براساس ارزش‌های فنوتیپی صفات به روش حداقل واریانس WARD ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به ٤ گروه دسته‌بندی کرد (شکل ۱). ژنوتیپ‌هایی که در گروه اول قرار گرفتند در رابطه با اکثر صفات ارزش فنوتیپی بالایی داشتند. به‌عنوان نمونه ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) برای 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. به‌عنوان 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. به‌عنوان نمونه ژنوتیپ‌های ZK472221، (RFC or CMS) B73 و P13L3 که به‌ترتیب 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. به‌عنوان نمونه ژنوتیپ P13L2 و P19l3 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 و٤ 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).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]



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.

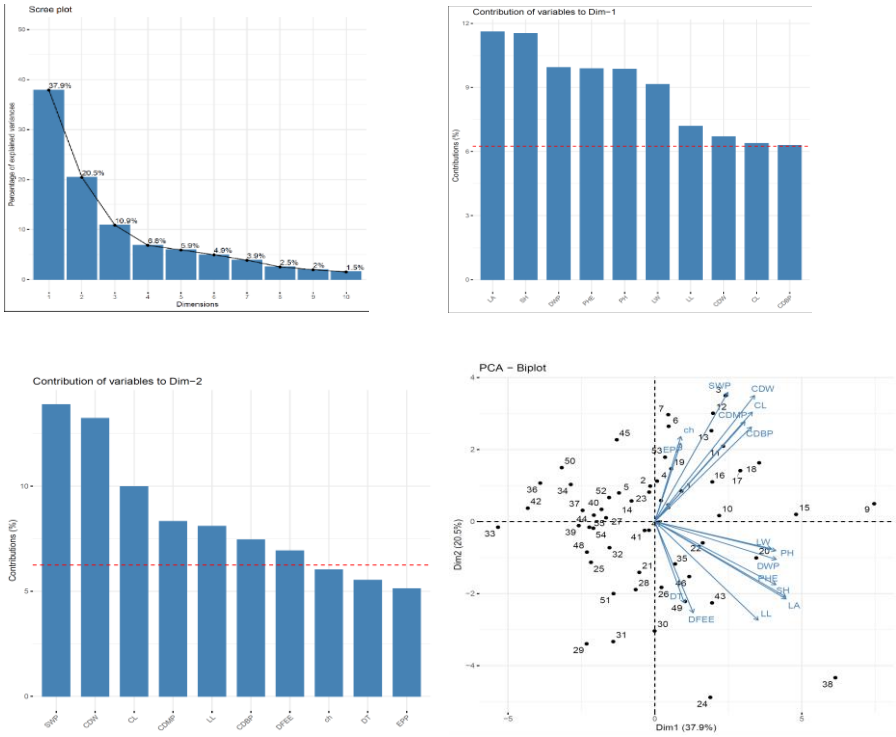
ادامه جدول ۳- مقایسه میانگین صفات آگرومورفولوژیک بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای

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

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

براساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اول و دوم به‌ترتیب ۳۷/۹ و ۲۰/۵ درصد و در مجموع ۵۸/٤ 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 تاثیر 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 به‌صورت تصویر نمایان می‌سازد. رسم بردار صفات در پلات دو بعدی مؤلفه‌های اصلی اول و دوم، به تعیین و تفسیر 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 ٦ و ۷ وضعیت مطلوب‌تری دارند. ژنوتیپ‌های شماره ۱۱، ۱۲، ۱۳، ۱٦، 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.



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

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

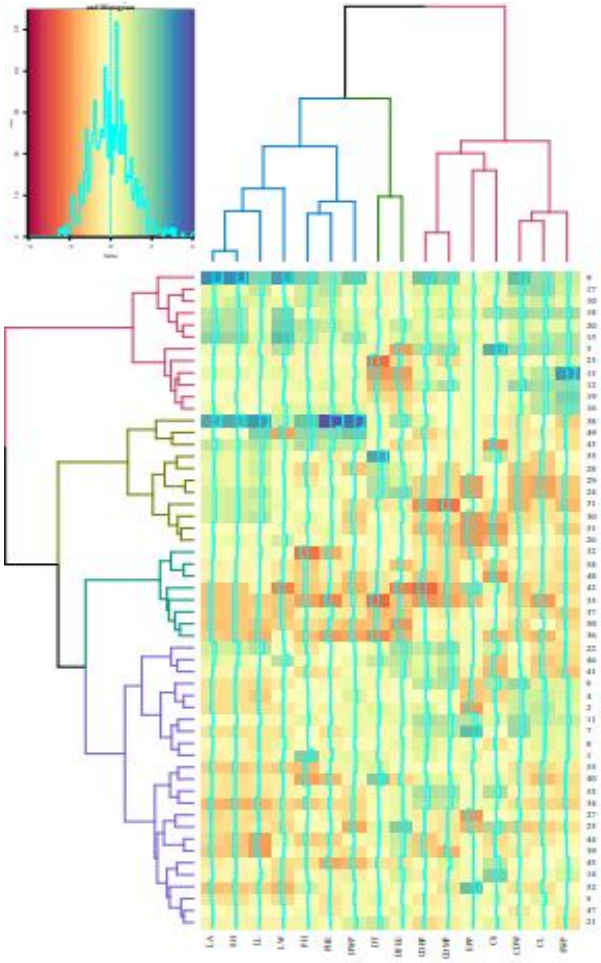
برآورد ارزش اصلاحی با استفاده از نشانگرهای SNP

ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای صفات اندازه‌گیری شده، در جدول (٤) ارائه شده است. بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای ارتفاع بوته به‌ترتیب در ژنوتیپ P10L5 (٤٧/٨٧) و ژنوتیپ K1263-1388 (٥٥/٠٣-) مشاهده شد. برای صفت ارتفاع بوته تا بلال، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به ترتیب در ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA(Indonesia) (٥٩/٢١) و ژنوتیپ 89-4 (٣٣/٣٩-) مشاهده شد. برای صفت طول برگ، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) (٢٢/٤٨) و ژنوتیپ 6*/88 (١٥/٠٣-) دیده شد. برای صفت عرض برگ، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ P10L5 (٢/٢١) و ژنوتیپ 48*1390 (١/٨٦-) دیده شد. در رابطه با صفت نسبت سطح برگ، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (٢٠٤/٢٨) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 9/K1911 (١٠٤/٨٩-) مشاهده شد. در صفت شاخص سطح برگ، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (٠/٠٧) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ MO17 (٠/٠١-) دیده شد. در رابطه با صفت تعداد بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P11L7 (١/٠٤) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ W37a (٠/٠٩-) دیده شد. در رابطه با صفت میزان کلروفیل، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P13L2 (١٤/١١) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 138*/89 (١١/٠٤-) مشاهده شد. بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت وزن دانه در بوته به‌ترتیب در ژنوتیپ P16L4 Kahia (٥٧/٨٣) و ژنوتیپ ZK472221 (٣٨/٥٥-) مشاهده شد (جدول ٤). در رابطه با صفت وزن چوب بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (١٠/٧٥) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ ZK472221 (٩/٥٩-) مشاهده شد. در رابطه با صفت قطر ابتدای چوب بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (٠/٥٥) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 48*1390 (٠/٦٦-) مشاهده شد. در رابطه با صفت قطر وسط چوب بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P10L5 (٠/٤٥) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ ZK472221 (٠/٥٩-) دیده شد. در رابطه با صفت طول چوب بلال، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ P9L6 (٣/٧٠) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 4-*89 (٤/٩٣) 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 ٤٠ QTL برای طول بلال در ده جمعیت RIL شناسایی شدند و تقریباً ٧٠ درصد این QTLها دارای اثرات کم بودند. در جمعیت‌های RIL به علت خودگشنی‌های 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) (٤٢/٢٥) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 55-N-K3640/S (١٧/٣٥-) مشاهده شد. در رابطه با صفت ظهور بلال اول، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ R59(Paternal) (٩/٣٢) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ 1*/89(Red cod corn) (٨/٧٧-) مشاهده شد. در رابطه با صفت ظهور بلال دوم، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 1264/1 (١٠/٨٧) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ P16L4 Kahia (٨/٩٩-) مشاهده شد. در رابطه با صفت تاریخ ظهور گل نر، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ 25*/89 (١١/٧٨) و پایین‌ترین آن در ژنوتیپ *4-89 (٨/٢٣-) مشاهده شد. با در نظر گرفتن مجموع ارزش‌های اصلاحی جمیع صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های P10L5، P16L6 Kahia، P10L7، P10L9 برترین رتبه را داشتند. ژنوتیپ‌های *4-89، 48*1390، 55-N-K3640/S، 1*/89(Red cod corn)، پایین‌ترین رتبه را بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه داشتند.

تجزیه خوشه‌ای بر پایهٔ ارزش‌های اصلاحی به روش حداقل واریانس WARD نیز ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به ٤ گروه دسته‌بندی کرد (شکل ٣). 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

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

برخی صفات ارزش اصلاحی بالا و برای برخی صفات ارزش اصلاحی پایین داشتند. برای نمونه ژنوتیپ S2/QPM/SUKMA (Indonesia) برای صفات ارتفاع بوته تابلال، 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 1390*48، *4-89، 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 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.



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

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

جدول ٤- برآوردهای ارزش اصلاحی برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های مختلف ذرت بر اساس نشانگرهای SNP

ردیف	نام	PH	رتبه	PHE	رتبه	LL	رتبه	LW	رتبه	LA	رتبه	sh	رتبه	EPP	رتبه	Ch	رتبه	SWP	رتبه
1	P15 L16 Kahia	45.5108*	53	5.6441	42	-4.118	19	-0.32454	23	-40.478	21	-0.014928	20	0.23565	49	-0.499	27	5.2003	38
2	P9L3 Kahia	5.5877	35	-7.3086	22	-6.8666	13	-0.59599	16	-66.679	12	-0.024516	11	-0.86743**	5	-2.1913	18	5.4708	39
3	P13L2	-10.5445	18	2.207	35	-3.9764	20	1.02203	50	17.925	38	0.005547	37	0.07635	35	14.1054**	55	24.4731*	50
4	P6L1	4.4871	33	-2.4509	28	-9.0238	7	-0.17933	29	-60.434	15	-0.020236	14	-0.55884*	12	-5.6789	10	11.9083	45
5	P19l3	-3.2975	25	-11.7179	11	-2.8428	23	-0.82312	11	-55.091	17	-0.016799	18	0.07891*	40	2.637	41	-3.7584	34
6	P14L1 Kahia	-2.1834	27	-4.289	24	-7.1864	12	-0.52969	18	-65.315	13	-0.021646	13	-0.56141*	11	7.1888	50	10.9678	43
7	P11L7	-1.1556	29	-13.6615	10	-5.6969	16	-0.61363	15	-60.16	16	-0.018936	16	1.04192**	55	-0.5502	26	5.7587	40
8	P14L2	1.8494	30	-7.2385	23	-5.9347	14	0.37779	44	-21.243	27	-0.007528	27	0.0724	27	-4.4192	13	4.7083	36
9	P10L5	47.8695**	54	20.7405*	53	14.4148**	53	2.2139**	55	204.283**	55	0.068331**	55	0.08001	42	3.6132	46	16.801	48
10	P1L4 (Dialell- Karaj)	23.9135	48	11.9952	48	5.0413	42	0.28071	41	38.216	43	0.015315	45	0.07135	25	-2.9622	16	4.9284	37
11	P11L6	15.966	45	2.4951	36	1.6066	35	-0.29104	27	-6.779	33	-0.002574	32	0.54793*	52	3.5359	45	16.2564	47
12	P13L3	13.7392	43	10.4198	47	-2.0652	26	0.15863	40	-7.494	32	-0.002555	33	0.08184	44	2.1207	39	29.6276**	52
13	P16L4 Kahia	-7.0884	22	3.8612	39	2.0884	37	0.45654	46	30.239	40	0.010007	40	0.07234	26	2.1122	38	57.8257**	55
14	P19L5 Kahia	-6.642	24	-7.7291	20	2.66	39	-0.86462	10	-30.488	25	-0.010363	25	0.08341	45	10.5275*	54	11.6739	44
15	P16L6 Kahia	26.662	49	7.194	44	5.1704	43	1.91101**	54	122.548**	53	0.042402**	53	0.23423	48	1.2787	35	23.322*	49
16	P15L4	15.9464	44	12.0435	49	-1.2874	32	0.59105	47	16.717	37	0.004733	35	0.06753	24	-0.991	24	30.8728**	53
17	P9L6	22.3912	47	18.259	52	8.6036	48	-0.17173	30	35.776	41	0.012912	43	0.26103	51	1.8223	37	12.7697	46
18	P10L7	6.685	36	10.3933	46	2.0334	36	1.42697	52	75.852	50	0.026875	51	0.23853	50	8.1804*	52	27.8292*	51
19	P16L12 Kahia	4.7122	34	2.63	37	0.4799	34	-0.29709	26	-14.145	29	-0.005693	28	0.08007	43	0.7206	33	36.5854**	54
20	P10L9	29.7325	50	15.975	51	3.0262	40	1.56976	53	90.749*	52	0.03272*	52	0.07727	37	-0.8884	25	5.8834	41
21	MO17	11.0609	41	-3.0029	26	-3.4563	22	-0.40743	21	-35.35	24	-0.009344	26	0.03686	16	3.3994	44	-24.318	17
22	OH43/1-42	-16.3418	15	-0.4331	29	10.7349*	52	0.01056	35	59.459	49	0.019572	49	0.07639	36	5.191	47	-23.9396*	18
23	K615/1	-7.6434	21	-0.0072	31	3.4145	41	-0.37574	22	-1.907	34	-0.001107	34	0.0748	32	-1.8929	21	10.7808	42
24	B73	8.4053	39	6.3328	43	8.911	49	0.08884	39	52.798	46	0.017933	47	-0.85673**	6	-1.7055	22	-33.8265**	4
25	R59 (Paternal)	-6.7303	23	0.8459	33	-4.6826	17	-0.87108	9	-64.095	14	-0.020145	15	-0.70883*	8	8.5766*	53	-25.3259*	14
26	W37a	2.8357	32	5.4212	41	-2.7998	24	0.70065	48	15.125	36	0.005726	38	-0.89724**	1	-8.7788*	4	-15.5983	27
27	R319	2.1682	31	-8.2758	17	-7.5058	11	-0.65613	13	-73.175	11	-0.023899	12	-0.89367**	2	-0.0407	30	-12.0434	29
28	R=59	-23.1655	11	3.3527	38	7.5173	46	-0.32043	24	23.182	39	0.008051	39	0.05185	19	-0.3166	28	-14.439	28
29	B73(RFC or CMS)	-15.1524	16	-0.1683	30	5.7851	44	0.05458	37	36.181	42	0.012679	42	-0.85566**	7	-1.9082	20	-34.1796**	3
30	1264/ 1	13.5412	42	1.7359	34	10.106*	51	0.04426	36	57.084	48	0.01934	48	-0.87807**	4	-8.6448*	5	-19.5205	22
31	ZK472221	-1.5034	28	0.6879	32	7.5455	47	0.28605	42	55.395	47	0.017379	47	0.04652	17	-4.7145	12	-38.5474*	1
32	K1263-1388	-55.0299**	1	-25.3269**	4	2.4492	38	-0.01438	34	12.063	35	0.004931	36	-0.56638*	10	1.4097	36	-22.962*	19
33	89-4*	-41.2634*	2	-33.386**	1	-9.0358	6	-1.06061	5	-94.522*	5	-0.031179*	6	-0.63884*	9	-2.0153	19	-19.1634	24
34	9/K1911	-29.2043	7	-14.1176	9	-12.4017*	3	-0.91352	8	-104.89*	1	-0.035645*	1	0.05911	21	2.3324	40	-29.3275**	8
35	25*/89	-2.7004	26	-9.328	15	6.5686	45	0.05656	38	39.579	45	0.013153	44	0.07732	38	6.5402	48	-8.154	32
36	55-N- K3640/S	-31.3896	5	-28.6542**	2	-12.1745	4	-0.31519	25	-81.377	9	-0.027877	9	0.05035	18	-8.0408	7	-19.329	23
37	20*1399	-10.4075	19	8.6853	45	-7.8049	9	-1.14811*	4	-91.406*	7	-0.028647*	8	-0.08428	15	-0.1479	29	-33.8245**	5
38	S2/QPM/SUKMA(Indonesia)	53.2456**	55	59.2106**	55	22.4798**	55	0.79354	49	178.026**	54	0.060358	54	0.074	31	-2.9763	15	-32.0789**	6
39	6*/88	-11.6273	17	-10.9112	13	-15.0303**	1	-0.13431	32	-91.82*	6	-0.032126*	3	0.0839	47	-3.6617	14	-8.6813	31
40	4/K1911	-41.2127*	3	-22.6184*	5	-4.6102	18	-0.42921	20	-45.526	20	-0.015335	19	0.0734	28	2.9763	42	-26.5834*	11
41	66*1388	-21.8909	12	-11.2871	12	-3.9012	21	-0.13916	31	-28.552	26	-0.011211	23	-0.23853	13	-8.1498*	6	-35.7097**	2
42	48*1390	-29.4065	6	-14.3802	8	-2.61	25	-1.85723**	1	-98.011*	3	-0.031858*	4	0.70665*	53	3.0802	43	-27.4754*	9
43	K18-B/1392(Indonesia-Colombia)	34.4147*	51	15.6182	50	10.0042	50	0.40148	45	77.271	51	0.023193	50	0.0656	23	-10.7995*	3	-22.2825	20
44	7/K1911	-27.1921	9	-17.3637	6	-15.0146**	2	0.36013	43	-74.001	10	-0.025255	10	0.07561	34	-5.1682	11	-11.5695	30

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

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

*: معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد، **: معنی‌دار درسطح 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 ٤- 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 رتبه ها
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	47	2.07493	35	-0.7329	22	487
3	P13L2	7.0775	49	0.33656*	52	0.38044*	53	3.32594**	51	6.8027	36	-0.2848	15	-8.26102*	4	-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	30	0.596	30	481
5	P19l3	-1.5857	34	-0.18802	15	-0.11344	24	1.48997	41	-1.2958	21	3.4745	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	24	-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	21	-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	41	0.5523	29	704
12	P13L3	7.7005**	54	0.21571*	47	0.3491*	50	3.42411**	53	-0.9364	22	-4.2186	5	-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*	4	-8.40942*	3	-8.9853*	1	554
14	P19L5 Kahia	-2.8912	27	-0.15079	20	-0.1317	21	0.32932	35	-3.9544	17	0.6974	25	4.15835	45	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	42	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	50	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*	53	8.9079*	51	655
23	K615/1	-1.9515	31	-0.13504	22	-0.23596	10	0.12434	34	0.1015	26	-7.8898**	2	-4.39735	10	-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

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

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 درسطح احتمال ۵ درصد، **: معنی‌دار درسطح 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.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

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 اپیستازی 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 خصوصی برآورد شده برای صفات مورد مطالعه در محدود ۰/۲۲ تا ۰/۹٤ 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.

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

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]

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-Maroof MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allard RW (1984) Ribosomal DNAsepacer-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.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-11]