ژنتیک نوین
دوره نوزدهم، شماره ٤، زمستان ١٤٠٣
صفحه ٢٥٧ - ٢٤٥

برآورد ارزش اصلاحی ویژگی‌های بلال در ذرت (*Zea mays* L.) بر اساس نشانگرهای SNP در شرایط کمبود روی

Estimating the breeding value of ear characteristics in maize (*Zea mays* L.) based on SNP markers under zinc deficit conditions

سعیده ملازهی[1]، نفیسه مهدی نژاد*[1]، رضا درویش زاده*[2]، براتعلی فاخری[1]، میترا جباری[3]

۱- به‌ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشیار، استاد، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، سیستان و بلوچستان، ایران

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

۳- استادیار گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه سراوان، سیستان و بلوچستان، ایران

Molazehi S[1], Mahdinezhad N*[1], Darvishzadeh R*[2], Fakheri B[1], Jabari M[3]

1- MSc Student, Associated Professor, Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Sistan and Baluchestan, Iran
2- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
3- Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agriculture, University of Saravan, Sistan and Baluchestan, Iran

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

(تاریخ دریافت: ١٤٠٢/١٢/٠٦ - تاریخ پذیرش: ١٤٠٣/١١/٠٦)

چکیده

یکی از کارهای مهم در برنامه‌های به‌نژادی، اطلاع از نحوه عمل و میزان اثر ژن‌ها جهت دستیابی به ارقام گیاهی با بازدهی بالا است. در این تحقیق ۹۳ ژنوتیپ ذرت در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار در دو شرایط محیطی نرمال (استفاده از کود سولفات روی) و کمبود روی (عدم استفاده از کود سولفات روی) بررسی و ارزش اصلاحی ویژگی‌های بلال ذرت با استفاده از نشانگرهای SNP از طریق بهترین پیش‌بینی ناااریب خطی (BLUP) برآورد شدند. نتایج نشان داد که برای صفت طول بلال ژنوتیپ‌های Ma039 (هر دو شرایط محیطی)، Ma043 (محیط نرمال)، Ma100 (محیط کمبود روی)، Ma113 (محیط نرمال) و Ma119 (محیط نرمال)؛ برای صفت تعداد دانه در ردیف ژنوتیپ Ma043 (محیط نرمال)؛ صفت قطر بلال ژنوتیپ‌های Ma039 (محیط کمبود روی)، Ma043 (محیط نرمال)، Ma048 (محیط کمبود روی)؛ صفت عملکرد اقتصادی ژنوتیپ‌های Ma044 (محیط نرمال)، Ma100 (محیط کمبود روی)؛ و صفت تعداد دانه در بلال ژنوتیپ‌های Ma037 (محیط کمبود روی)، Ma043 (محیط نرمال)، Ma100 (هر دو شرایط محیطی)، Ma113 (محیط نرمال) و Ma119 (محیط نرمال) دارای ارزش اصلاحی معنی‌دار بودند. با در نظر گرفتن مجموع ارزش اصلاحی کل صفات مورد مطالعه، بالاترین ارزش اصلاحی در شرایط کمبود روی در ژنوتیپ‌های Ma072, Ma111, Ma055, Ma104, Ma019 و در شرایط نرمال در ژنوتیپ‌های Ma111, Ma031, Ma036, Ma034 , Ma035, Ma079 مشاهده شد. ژنوتیپ Ma111 تنها ژنوتیپی بود که در هر دو محیط نرمال و کمبود روی بالاترین ارزش اصلاحی را به خود اختصاص داد و به‌عنوان ژنوتیپ امیدبخش برای صفات مورد مطالعه معرفی می‌شود. با توجه به نتایج حاصل از این تحقیق، می‌توان از ژنوتیپ‌های با ارزش اصلاحی مثبت و معنی‌دار (Ma039, Ma100, Ma113, Ma119, Ma037, Ma044, Ma048) به‌عنوان والدین مطلوب در به‌نژادی صفات مورد نظر استفاده نمود. صفت تعداد دانه در بلال در هر دو محیط نرمال و کمبود روی دارای بالاترین وراثت‌پذیری بود بنابراین گزینش بر پایه فنوتیپ در اصلاح این صفت باعث افزایش بازده گزینش می‌شود.

واژه‌های کلیدی

ارزش اصلاحی
بهترین پیش‌بینی ناااریب خطی
نشانگر مولکولی
ذرت

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

مقدمه

ذرت (*Zea mays* L.) گیاهی از خانواده گندمیان، یکساله، دگرگشن و دیپلوئید (Coulter et al. 2010)، به‌دلیل سازگاری بالا با بسیاری از نقاط اقلیمی و همچنین به‌دلیل مسیر فتوسنتزی چهار کربنی، دارای بیشترین عملکرد در واحد سطح می‌باشد. به‌طوری که از نظر عملکرد و میزان تولید در جهان، در رتبه اول و از نظر سطح زیرکشت، بعد از گندم و برنج در رتبه سوم قرار می‌گیرد (Sajedi and Ardekani 2008). در حالت طبیعی گیاهان با تنش‌های زیستی و غیر زیستی مختلفی رو به رو هستند، که این تنش‌ها رشد و نمو گیاهان را تحت تاثیر قرار می‌دهند. یکی از این تنش‌ها، کمبود روی می‌باشد که در خاک‌های کشور به‌دلیل قلیایی بودن، میزان بالای آهک، استفاده بیش از حد از کودهای فسفره و عدم استفاده از ریزمغذی‌هایی که دارای عنصر روی هستند، و همچنین وجود بی‌کربنات فراوان در آب آبیاری، بیشتر مشهود می‌باشد (Malakuti 2003). عنصر روی یکی از هشت عنصر کمیاب و ضروری برای رشد و تولیدمثل گیاهان است (Alloway 2008). از بین ریزمغذی‌ها کمبود عنصر روی مهم‌ترین عامل محدودکننده رشد می‌باشد. تقریباً نصف خاک‌های زیر کشت غلات در دنیا به‌ویژه خاک‌های آهکی مناطق خشک و نیمه خشک دچار کمبود روی هستند (Cakmak et al. 2002; Graham and Welch 1996). گیاهان زراعی از جمله غلات تنوع ژنتیکی قابل توجهی برای غلظت مواد معدنی مانند روی نشان می‌دهند (Ghodsizad et al. 2013).

امروزه در تجزیه تنوع ژنتیکی گونه‌های زراعی همچون ذرت از نشانگرهای مولکولی به‌صورت گسترده‌ای استفاده می‌شود (Mir Mohammadi and Golkar 2019). نشانگرهای مولکولی بر اساس تفاوت در توالی DNA افراد در سطح ژنوم توسعه می‌یابند و به‌دلیل عدم تاثیرپذیری از شرایط محیطی، پایداری و دقت بالاتری دارند (Liu et al. 2022). نشانگرهای SNP به‌دلیل فراوانی بالا نسبت به سایر نشانگرها و نیاز به زمان کم‌تر برای ارزیابی افراد، یکی از نشانگرهای پرکاربرد و ارجح در ارزیابی تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها هستند. تعداد جهش در این نشانگرها پایین است که این مورد برای بررسی چگونگی تکامل ژنوم بسیار مفید است (Mansori et al. 2017).

اثرات ژنی در مکان‌های ژنی به‌صورت افزایشی (ارزش اصلاحی) یا غیر افزایشی (غالبیت) دیده می‌شوند. ارزش اصلاحی (اثرات افزایشی) در واقع مجموع اثرات جداگانه آلل‌ها در مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات می‌باشد؛ به‌همین دلیل گزینش برای این اثرات بهتر و موفق‌تر از گزینش برای دیگر اثرات ژنی است (Farshadfar 1998). اخیراً از روش پیش‌بینی نااُریب خطی (Best Linear Unbiased Prediction) برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی و پارامترهای ژنتیکی (وراثت‌پذیری، واریانس ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی) استفاده می‌شود. در روش‌های متداول اصلاح دام و گیاهان زراعی و درختان جنگلی، با تلفیق اطلاعات شجره‌ای در قالب یک ماتریس ارتباط افزایشی به نام ماتریس ضرایب همخونی با داده‌های فنوتیپی، بهترین پیش‌بینی از ارزش اصلاحی (BLUP) حاصل می‌شود (Meuwissen 2009). با توسعه فناوری نشانگرهای مولکولی، امروزه امکان کالبدشکافی دقیق ژنتیکی صفات کمّی فراهم شده است (Semagn et al. 2010). برآورد ارزش اصلاحی به 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 نسل را کاهش داد (Meuwissen and Goddard 2010). بسط و توسعه استفاده از نشانگرهای مولکولی باعث تسهیل تخمین ارزش‌های اصلاحی در دام و گیاه شده است. نشانگرهای مولکولی امکان برآورد ماتریس خویشاوندی (Kiniship matrix) جایگزین با ماتریس ضرایب همخونی در روش BLUP برای تخمین ارزش اصلاحی صفات زراعی – زیستی ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌کنند (Bauer et al. 2006). در برنامه‌های اصلاحی ارزش‌های فنوتیپی می‌توانند با ارزش‌های اصلاحی برآورد شده جایگزین شوند. ارزش اصلاحی برآورد شده گزینش والدین برتر برای تولید ژنوتیپ‌ها، لاین‌ها و یا جمعیت‌های جدید برای اهداف به‌نژادی خاص را تسهیل می‌نماید. همچنین ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده، با افزایش میزان پاسخ به گزینش، باعث پیشرفت ژنتیکی می‌شوند. استفاده از نشانگرهای مولکولی در برآورد ارزش اصلاحی در تحقیقات مختلف گزارش شده است (Ghahramani and Darvishzadeh 2021; Afrouz et al. 2021).

در پژوهش حاضر برآورد ارزش اصلاحی ۹۳ ژنوتیپ ذرت برای برخی صفات مرتبط با بلال و عملکرد تحت شرایط نرمال و تنش

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

کمبود روی برای اولین بار در کشور با استفاده از نشانگر SNP گزارش می‌شود. امید است نتایج حاصل از این تحقیق اطلاعات کاربردی و مطلوبی در گزینش والدین مناسب برای توسعه ژنوتیپ‌های ذرت با عملکرد بالا و دارای صفات مطلوب در شرایط کمبود روی در اختیار به‌نژادگران قرار دهد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق تعداد ۹۳ ژنوتیپ ذرت در شرایط مزرعه در مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی سیستان، در دو شرایط شرایط بهینه (استفاده از کود سولفات روی) و کمبود روی (عدم استفاده از کود سولفات روی) در قالب طرح آلفا لاتیس در دو تکرار طی ۲ سال زراعی متوالی (۱۳۹۹ و ۱۴۰۰) مورد ارزیابی قرار گرفتند. محل اجرای این طرح در طی دو سال متوالی از یک رده خاک با خصوصیات فیزیکی و شیمیایی (جدول ۱) مشابه بود تا از تغییرات ناشی از غیریکنواختی خاک جلوگیری شود. مراحل آماده‌سازی زمین در طی ۲ سال از پاییز سال پیش از کاشت با انجام شخم آغاز شد. عملیات کاشت از اول مرداد ماه هر سال (بر اساس تقویم زراعی منطقه) انجام شد.

جدول ۱- ویژگی‌های فیزیکی و شیمیایی خاک مزرعه

Zn (ppm)	بافت خاک Soil texture	Silt (%)	Sand (%)	Clay (%)	OC (%)	Availabe K (ppm)	Availabe P (ppm)	Total Nitrogen (%)	TNV (%)	pH	EC (ds/m)	عمق Depth (cm)
0.67	Loam	40	42	18	0.54	220	26	0.05	20.4	8.03	1.85	0-30

OC: کربن آلی، K: پتاسیم، P: فسفر، TNV: درصد آهک، PH پتانسیل هیدروژن، EC: هدایت الکتریکی، Clay: رس، Sand: شن، silt: سلیت

قبل از کشت تعداد پنج نمونه خاک از عمق ۳۰-۰ سانتی‌متری از نقاط مختلف زمین تهیه و بر روی نمونه مخلوط که نماینده کل خاک مزرعه بود آنالیز خاک انجام شد. کوددهی براساس نتایج آنالیز خاک صورت گرفت. پس از کاشت بلافاصله عملیات آبیاری صورت گرفت تا بدین ترتیب سبز شدن یکنواخت در سطح زمین آزمایش ایجاد شود. کود روی (۳۵ کیلوگرم در هکتار) پیش از آغاز مرحله زایشی در مرحله ٤، ٦ و ۱۰ برگی (قبل گلدهی) بر اساس تقسیم‌بندی هانوی (Hanway 1971) در ساعات اولیه روز همراه آب به زمین در آزمایش "محیط نرمال (بهینه)" اضافه شد در حالی که کود روی در آزمایش "محیط کمبود روی" اضافه نشد. با توجه به ویژگی‌های خاک (جدول ۱) مصرف کود روی در محیط نرمال منجر به برطرف نمودن کمبود روی (ایجاد محیط نرمال) در خاک مزرعه شد. بعد از رسیدگی فیزیولوژیک صفات طول بلال، تعداد دانه در ردیف، قطر بلال، وزن دانه در بلال (عملکرد اقتصادی) و تعداد دانه در بلال اندازه‌گیری و ثبت شدند. در بخش مولکولی با توالی‌یابی ۹۳ ژنوتیپ با پلتفرم ایلومینا (Illumina® HiSeq 2000) و با استفاده از آرایه ژنوتیپ‌سنجی Affymetrix® Maize 600K در شرکت TraitGenetics آلمان (http://www.traitgenetics.com)، تعداد ٦۰۰ هزار نشانگر SNP توسعه یافت. ضرایب خویشاوندی نسبی ۹۳ ژنوتیپ ذرت با استفاده از نرم‌افزار GAPIT (Lipka et al. 2012) با به‌کارگیری تعداد ۲۳۰٦۵۷ نشانگر SNP چندشکل با کیفیت بالا محاسبه شد. برآورد ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های ذرت برای هر یک از صفات مورد بررسی تحت هر دو شرایط نرمال و کمبود روی به روش بهترین پیش‌بینی ناأریب خطی (BLUP) در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/٤ انجام گرفت (Bernardo 2007). مدل مخلوط برای برآورد ارزش اصلاحی به‌صورت ذیل می‌باشد:

$$Y = Xb + Zu + e \quad \text{معادله (۱)}$$

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 میانگین m و ماتریس واریانس - کوواریانس V می‌باشد (Piepho et al. 2008). اثرات ثابت توسط بهترین برآورد ناأریب خطی (BLUE) و اثرات تصادفی از طریق

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

بهترین پیش‌بینی ناأریب خطی (BLUP) برآورد می‌شوند. برای محاسبه ارزش اصلاحی صفات، از ارزش فنوتیپی ژنوتیپ‌های مورد بررسی و ماتریس خویشاوندی با استفاده از روش VanRaden که با استفاده از داده‌های مولکولی SNP محاسبه شد، استفاده شد. وراثت‌پذیری خصوصی صفات با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد.

$$h^2=\frac{\delta_A^2}{\delta_P^2}\times 100 \qquad \text{معادله (۲)}$$

به‌منظور گروه‌بندی لاین‌ها بر اساس ارزش‌های اصلاحی و همچنین میانگین ارزش فنوتیپی صفات از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس Ward در نرم‌افزار R استفاده شد. مقایسه میانگین بین خوشه‌ها با استفاده از آزمون دانکن در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/٤ انجام شد.

نتایج و بحث

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس میانگین ارزش فنوتیپی صفات

تجزیه خوشه‌ای بر اساس میانگین ارزش فنوتیپی صفات به روش WARD، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در شرایط نرمال به ۷ گروه و در شرایط کمبود روی به ٦ گروه تقسیم نمود (شکل ۱). در شرایط نرمال در گروه‌های اول تا هفتم به‌ترتیب ۲۱، ۳۱، ۱٦، ۲۱، ۱، ۲ و ۱ ژنوتیپ قرار گرفتند. نتایج مقایسه میانگین صفات بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط نرمال نشان داد که گروه اول (Ma001, Ma003, Ma004, Ma005, Ma006, Ma010, Ma019, Ma020, Ma024, Ma080, Ma091, Ma107, Ma109, Ma116, Ma117, Ma122, Ma045, Ma053, Ma055, Ma062, Ma065) از نظر صفات طول بلال، قطر بلال؛ گروه دوم از نظر صفات قطر بلال، تعداد دانه در بلال؛ گروه سوم از نظر صفات طول بلال، قطر بلال، تعداد دانه در بلال و گروه پنجم از نظر صفات قطر بلال و عملکرد اقتصادی وضعیت مطلوبی دارند. ژنوتیپ‌های گروه‌های چهارم، ششم و هفتم (Ma009, Ma011, Ma014, Ma016, Ma027, Ma028, Ma083, Ma085, Ma100, Ma105, Ma106, Ma110, Ma115, Ma038, Ma039, Ma040, Ma046, Ma048, Ma043, Ma119, Ma113, Ma052, Ma060, Ma066) برای تمامی صفات به‌جز تعداد دانه در ردیف در گروه هفتم، وضعیت ضعیف‌تری نشان دادند (جدول ۲). در شرایط کمبود روی به‌ترتیب ۲۱، ۳٦، ۱۰، ۱٦، ۹ و ۱ ژنوتیپ در گروه‌های یک تا شش قرار گرفتند. مقایسه میانگین گروه‌ها در شرایط کمبود روی نشان می‌دهد که گروه‌های سوم و چهارم در رابطه با طول بلال، گروه ششم در رابطه با تعداد دانه در ردیف، گروه سوم در رابطه با قطر بلال، گروه چهارم در رابطه با عملکرد اقتصادی و تعداد دانه در ردیف وضعیت مطلوبی دارند (جدول ۳).

جدول ۲- مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه بر اساس ارزش فنوتیپی در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط نرمال

گروهCluster	تعداد ژنوتیپ N	EL	NKR	ED	EY	NKE
1	21	13.8333ab	21.655cd	6.6429a	70.54cd	231.56b
	Ma001, Ma003, Ma004, Ma005, Ma006, Ma010, Ma019, Ma020, Ma024, Ma080, Ma091, Ma107, Ma109, Ma116, Ma117, Ma122, Ma045, Ma053, Ma055, Ma062, Ma065					
2	31	13.4839b	25.500bc	6.4395ab	93.95bc	297.98a
	Ma002, Ma007, Ma012, Ma013, Ma015, Ma018, Ma023, Ma025, Ma026, Ma032, Ma089, Ma096, Ma098, Ma104, Ma108, Ma112, Ma114, Ma118, Ma120, Ma121, Ma123, Ma037, Ma042, Ma049, Ma050, Ma054, Ma057, Ma073, Ma074, Ma075, Ma077					
3	16	14.9531a	280078b	7.0469a	101.85b	339.34a
	Ma008, Ma017, Ma021, Ma022, Ma031, Ma033, Ma079, Ma111, Ma034, Ma035, Ma036, Ma044, Ma051, Ma064, Ma072, Ma076					
4	21	11.9762c	18.560d	5.9226bc	48.03de	166.39bc
	Ma009, Ma011, Ma014, Ma016, Ma027, Ma028, Ma083, Ma085, Ma100, Ma105, Ma106, Ma110, Ma115, Ma038, Ma039, Ma040, Ma046, Ma048, Ma052, Ma060, Ma066					
5	1	13.0000bc	24.000bc	6.7500a	211.33a	217.00b
	Ma030					
6	2	10.1250d	11.375e	5.0625d	26.29e	93.88d
	Ma043, Ma119					
7	1	10.2500d	38.500a	5.5000cd	33.38e	132.25cd
	Ma113					

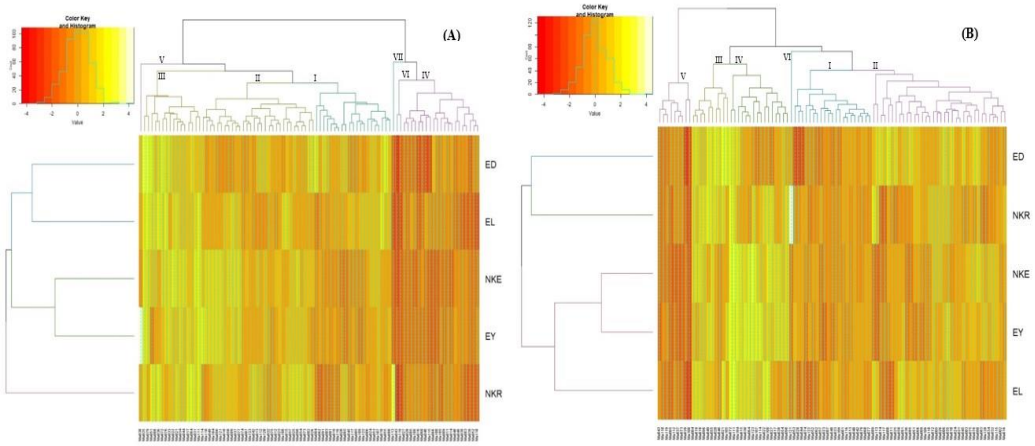
EL: طول بلال، ED: قطر بلال، NKR: تعداد دانه در ردیف، NKE: تعداد دانه در بلال، EY: وزن دانه در بلال (عملکرد اقتصادی)

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه بر اساس ارزش فنوتیپی در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای در محیط کمبود روی

گروه Cluster	تعداد ژنوتیپ N	EL	NKR	ED	EY	NKE
1	21	11.5833bc	18.405d	5.8750cd	52.443c	174.58cd
	Ma001, Ma007, Ma013, Ma023, Ma028, Ma033, Ma040, Ma042, Ma044, Ma048, Ma052, Ma053, Ma057, Ma060, Ma062, Ma074, Ma077, Ma079, Ma109, Ma116, Ma122					
2	36	12.2639ab	19.549cd	6.4653b	58.036bc	198.71bc
	Ma002, Ma003, Ma005, Ma006, Ma008, Ma009, Ma010, Ma011, Ma012, Ma014, Ma016, Ma024, Ma025, Ma026, Ma031, Ma032, Ma034, Ma035, Ma036, Ma045, Ma050, Ma051, Ma066, Ma075, Ma076, Ma080, Ma083, Ma085, Ma089, Ma091, Ma106, Ma113, Ma115, Ma117, Ma118, Ma120					
3	10	13.1500a	24.175b	6.9375a	71.865b	229.55b
	Ma004, Ma018, Ma019, Ma020, Ma021, Ma046, Ma049, Ma055, Ma096, Ma105					
4	16	13.3750a	22.484bc	6.2578bc	92.564a	282.53a
	Ma015, Ma017, Ma022, Ma027, Ma030, Ma038, Ma054, Ma064, Ma072, Ma098, Ma104, Ma107, Ma108, Ma111, Ma114, Ma123					
5	9	10.3333c	14.778e	5.6806d	30.259d	104.53e
	Ma037, Ma039, Ma043, Ma065, Ma073, Ma100, Ma110, Ma112, Ma119					
6	1	11.00bc	38.000a	6.1250bcd	35.888d	147.75de
	Ma121					

EL: طول بلال، ED: قطر بلال، NKR: تعداد دانه در ردیف، NKE: تعداد دانه در بلال، EY: وزن دانه در بلال (عملکرد اقتصادی)



شکل ۱- دندروگرام حاصل از خوشه‌بندی سلسله مراتبی ۹۳ ژنوتیپ ذرت بر اساس ارزش فنوتیپی ویژگی‌های بلال تحت شرایط A) نرمال و B) کمبود روی

برآورد ارزش اصلاحی با استفاده از نشانگرهای SNP

ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های مورد بررسی برای صفات مورد مطالعه در جدول (٤) ارائه شده است. در شرایط کمبود روی بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت طول بلال به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma111 (۲/۵۳) و Ma100 (۲/٤۱-) و در شرایط نرمال بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی برای این صفت به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma111 (۰/۷۱) و Ma119 (۲/۳۳-) مشاهده شد. برای صفت تعداد دانه در ردیف در شرایط کمبود روی بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma121 (٦/۱۷) و Ma117 (۳/۲۱-) و در شرایط نرمال بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma113 (۷/٤۰) و Ma043 (٦/۹٦-) مشاهده شد. در صفت قطر بلال در شرایط کمبود روی بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma021 (۰/۸٦) و Ma044 (۰/۹۵-) و در شرایط نرمال به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma079 (۰/۸٦) و Ma043 (۰/۹٦-) مشاهده شد. در رابطه با صفت وزن دانه در بلال (عملکرد اقتصادی) بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی در شرایط کمبود روی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma072 (۳٤/۲۸) و Ma100 (۳۰/۸۳-) و در شرایط نرمال بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma030 (۵۰/۱٦) و Ma043 (۲۷/۷۹-) دیده شد. برای صفت تعداد دانه در بلال در شرایط کمبود روی، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma111 (۱۲٦/۳۲) و Ma100 (۱۰۳/۰۹-)، و در شرایط نرمال به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های Ma031 (۹٦/٤۱) و Ma043 (۱٤۲/٤۸-) مشاهده شد.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

داشتن ارزش اصلاحی بالا برای صفات در ژنوتیپ‌ها، یک مزیت در برنامه‌های گزینش مبتنی بر فنوتیپ محسوب می‌شود.

با در نظر گرفتن مجموع ارزش اصلاحی جمیع صفات مورد مطالعه، در شرایط کمبود روی، بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ‌های Ma072, Ma111, Ma055, Ma104, Ma019 و کمترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ‌های Ma100, Ma039, Ma043, Ma065, Ma037 مشاهده شد. در شرایط نرمال بیشترین میزان ارزش اصلاحی در ژنوتیپ‌های Ma111, Ma031, Ma036, Ma035, Ma034, Ma079 و کمترین میزان ارزش اصلاحی در ژنوتیپ‌های Ma043, Ma119, Ma115, Ma016, Ma105 مشاهده شد. در برآورد ارزش اصلاحی تغییر نوع ژنوتیپ در مقایسه دو شرایط نرمال و کمبود روی در صفات مورد اندازه‌گیری، واکنش متفاوت ژنوتیپ‌های ذرت را به شرایط محیطی نشان می‌دهد. با مصرف کود سولفات روی مشاهده شد که وزن دانه در بلال (عملکرد اقتصادی) در شرایط نرمال افزایش یافت، که این می‌تواند نتیجه افزایش میزان مواد فتوسنتزی وارد شده به بلال و پُر شدن دانه‌ها باشد (Molazem 2018). با در نظر گرفتن ارزش اصلاحی کلیه صفات مورد بررسی، ژنوتیپ‌هایی که دارای بالاترین ارزش اصلاحی هستند می‌توانند به‌عنوان والدین مناسب جهت تلاقی در برنامه‌های به‌نژادی ذرت در نظر گرفته شوند، زیرا این ژنوتیپ‌ها ظرفیت بالای انتقال ارزش نسبی صفات به نسل بعد را دارا می‌باشند.

ارزش اصلاحی معنی‌دار نشان‌دهنده نقش اثرات افزایشی در کنترل صفات می‌باشد. در مطالعه حاضر نتایج نشان داد که صفت طول بلال در ژنوتیپ‌های Ma039 (هر دو شرایط محیطی)، Ma043 (محیط نرمال)، Ma100 (محیط کمبود روی)، Ma113 (محیط نرمال) و Ma119 (محیط نرمال)؛ صفت تعداد دانه در ردیف در ژنوتیپ Ma043 (محیط نرمال)؛ صفت قطر بلال در ژنوتیپ‌های Ma039 (محیط کمبود روی)، Ma043 (محیط نرمال)، Ma048 (محیط کمبود روی)؛ صفت عملکرد اقتصادی در ژنوتیپ‌های Ma044 (محیط نرمال)، Ma100 (محیط کمبود روی)؛ و صفت تعداد دانه در بلال در ژنوتیپ‌های Ma037 (محیط کمبود روی)، Ma043 (محیط نرمال)، Ma100 (هر دو شرایط محیطی)، Ma113 (محیط نرمال) و Ma119 (محیط نرمال) دارای ارزش اصلاحی معنی‌دار هستند. وجود ارزش اصلاحی معنی‌دار نشان دهنده این است که در این ژنوتیپ‌ها، سهم اثرات افزایشی در کنترل صفات مذکور بیشتر می‌باشد؛ بنابراین در جمعیت‌های در حال تفرق حاصل از تلاقی این ژنوتیپ‌ها گزینش می‌تواند مؤثر باشد. برای صفاتی که برآورد ارزش اصلاحی در ژنوتیپ‌ها معنی‌دار نبود، می‌توان چنین استنتاج نمود که احتمالاً بیشتر اثرات غیرافزایشی (غالبیت و اپیستازی) در کنترل مؤثر است. به احتمال قوی تفاوت بین دو جزء غالبیت و افزایشی برای چنین صفاتی زیاد و میانگین درجه غالبیت ژنی، بزرگ‌تر از یک بوده که این موضوع نشان دهنده سهم بیشتر اثرات غیرافزایشی و در نتیجه اهمیت هتروزیس در بروز این صفات می‌باشد. لذا ژنوتیپ‌هایی که دارای چنین صفاتی هستند برای تولید واریته‌های هیبرید می‌توانند مورد استفاده قرار گیرند. در جمعیت RILs ذرت که به‌علت خودگشنی‌های مکرر افراد جمعیت در اکثر مکان‌های ژنی خالص بودند عمدتاً QTLهای با اثرات افزایشی برای صفت طول بلال شناسایی شدند (Xiao et al. 2016). در این تحقیق در تعدادی از ژنوتیپ‌ها که ارزش اصلاحی معنی‌دار (Ma039, Ma043, Ma037, Ma048, Ma100, Ma113, Ma119, Ma044) مشاهده شد نقش اثرات افزایشی در کنترل صفت استنتاج می‌شود. نتایج تحقیقات نشان داده است که در توارث و کنترل ژنتیکی صفت ارتفاع بوته در ذرت اثرات غیر افزایشی اهمیت بیشتری دارد (Irshad-ul-Haq et al. 2010). همچنین سهم بیشتر اثرات غیر افزایشی از نوع اپیستازی در کنترل ژنتیکی صفت تعداد بلال از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داده شده است (Mihailov and Chernov 2006).

از موارد استفاده دیگر برآورد ارزش اصلاحی در کنار درک و فهم ساختار ژنتیک صفات، محاسبه وراثت‌پذیری است، که به دو نوع وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی تقسیم می‌شود. وراثت‌پذیری عمومی بالا نشان‌دهنده نقش بالای واریانس ژنتیکی (افزایشی + غیرافزایشی) و وراثت‌پذیری خصوصی بالا نشان‌دهنده نقش بالای واریانس ژنتیکی از نوع افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت مورد نظر است (Fehr 1991). وراثت‌پذیری میزان انطباق بین مقادیر فنوتیپی و مقادیر ژنوتیپی را نشان می‌دهد. برآورد وراثت‌پذیری به محققین در انتخاب روش اصلاحی کمک نموده و بدین ترتیب کارایی فعالیت‌های اصلاحی را بالا می‌برد. تحقیقات نشان داده است که صحت برآورد ارزش اصلاحی صفات با وراثت‌پذیری بالا نسبت

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

به صفات با وراثت‌پذیری پایین بیشتر است (Villumsen et al. 2009). به این دلیل که 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). در شرایط کمبود روی بالاترین مقدار وراثت‌پذیری در صفات قطر بلال (۸۶/۲۳ درصد)، طول بلال (۸۴/۷۷ درصد) و تعداد دانه در بلال (۸۴/۳۱ درصد) مشاهده شد، در شرایط نرمال بیشترین میزان وراثت‌پذیری در صفات تعداد دانه در بلال (۸۲/۵۲ درصد)، عملکرد اقتصادی (۷۲/۱۵ درصد) و طول بلال (۶۵/۹۸ درصد) مشاهده شد. وراثت‌پذیری بالای این صفات اعتماد به برآوردهای اصلاحی را در مورد این صفات نسبت به سایر صفات مورد ارزیابی بیشتر می‌کند و می‌توان چنین استنباط کرد که این صفات بیشتر تحت اثرات افزایشی ژن‌ها هستند. از سوی دیگر گزارش شده است که در وراثت‌پذیری بالاتر، ارزش‌های اصلاحی افراد سهم بیشتری در بروز داده‌های فنوتیپی داشته و بنابراین در برآورد اثرات نشانگرها با استفاده از اطلاعات فنوتیپی، صحت بیشتری مشاهده خواهد شد (Meuwissen et al. 2001). در هر دو شرایط محیطی میزان وراثت‌پذیری صفات بیش از ۶۰ درصد حاصل شد، که مقدار بالایی است. اگر میزان وراثت‌پذیری متوسط یا پایین باشد (کمتر از ۴۰ درصد)؛ در بهبود صفت در جمعیت‌های در حال تفرق برای گزینش افراد بر خلاف حالت وراثت پذیری بالا که از گزینش فنوتیپی استفاده می‌شود، باید از روش‌های مبتنی بر آزمون نتاج یا گزینش به‌کمک نشانگرهای مولکولی یا گزینش ژنومی استفاده کرد. وراثت‌پذیری پایین در صفات نشان دهنده سهم بیشتر جزء غالبیت نسبت به جزء افزایشی در کنترل ژنتیکی بوده و به‌منظور بهره‌مندی از پدیده هتروزیس، توجه بیشتر به تولید بذر هیبرید و دورگ‌گیری در اصلاح صفات را نشان می‌دهد. به‌طور مشابه در پژوهش انجام شده بر روی توتون شرقی در شرایط آلودگی با گل جالیز، میزان وراثت‌پذیریِ پایین صفات وزن تر و خشک بوته در تمام ژنوتیپ‌ها، نشان دهنده سهم کمتر اثرات ژنتیکی از نوع افزایشی در کنترل این صفات و در نتیجه عدم اعتماد به برآورد ارزش اصلاحی در مورد این صفات می‌باشد (Tahmasbali et al. 2020).

جدول٤- برآورد ارزش اصلاحی ویژگی‌های بلال در ۹۳ ژنوتیپ ذرت بر اساس نشانگرهای مولکولی SNP تحت شرایط نرمال و کمبود روی

Genotype	EL		NKR		ED		EY		NKE		Sum of ranks	
	N	ZD	N	ZD	N	ZD	N	ZD	N	ZD	N	ZD
Ma001	-0.17(35)	-0.43(22)	-1.38(19)	-0.13(42)	0.08(36)	-0.05(34)	2.48(35)	-7.30(24)	-38.28(26)	-18.55(28)	151	140
Ma002	0.07(44)	-0.37(25)	3.72(87)	0.49(60)	0.40(81)	0.09(48)	7.47(48)	2.38(50)	43.32(67)	-14.08(32)	327	215
Ma003	-0.26(32)	0.16(47)	-1.03(28)	0.47(59)	0.30(68)	0.21(60)	6.27(45)	8.77(65)	-19.44(36)	23.91(64)	209	295
Ma004	-1.07(9)	1.36(86)	-1.55(16)	1.64(77)	0.47(87)	0.48(82)	-4.85(18)	10.41(68)	-35.26(28)	37.92(73)	158	386
Ma005	0.37(59)	0.20(51)	1.56(56)	0.78(64)	0.07(35)	0.09(49)	-1.96(25)	-2.89(36)	-24.51(33)	41.32(78)	216	278
Ma006	0.85(73)	0.34(61)	0.26(45)	1.40(74)	0.19(59)	0.52(83)	9.01(51)	11.37(72)	6.15(47)	14.76(58)	275	348
Ma007	-0.02(40)	-0.24(28)	0.25(43)	0.20(40)	-0.007(26)	-0.10(26)	4.06(38)	-6.50(25)	15.09(51)	-31.56(20)	198	139
Ma008	1.40(88)	-1.22(7)	2.75(78)	0.43(55)	0.40(80)	0.64(90)	14.67(62)	-2.70(39)	35.87(64)	9.19(53)	372	244
Ma009	-0.57(16)	0.91(77)	-0.54(31)	0.21(51)	0.14(48)	0.18(56)	-6.88(17)	-10.33(19)	-54.30(20)	-19.08(26)	132	229
Ma010	1.47(89)	0.83(75)	-0.21(37)	0.17(50)	0.38(78)	0.39(77)	3.32(37)	-0.06(45)	-4.35(41)	-16.004(30)	282	277
Ma011	-0.18(34)	-1.04(11)	-0.33(35)	0.29(36)	-0.02(24)	0.31(71)	-8.36(15)	2.43(51)	-64.42(15)	-0.25(45)	123	214
Ma012	-0.37(28)	0.77(74)	-0.01(39)	1.16(69)	0.14(47)	-0.01(40)	5.60(41)	7.74(61)	23.82(57)	37.31(72)	212	316
Ma013	-0.42(23)	0.16(49)	2.01(70)	0.16(49)	0.16(50)	0.02(44)	5.86(43)	-2.82(37)	15.15(53)	-10.67(35)	239	214
Ma014	-0.32(29)	-0.79(17)	-0.57(30)	-1.70(9)	0.16(51)	0.55(86)	-10.84 (10)	-4.94(28)	-89.81(7)	-48.19(12)	127	152
Ma015	1.05(82)	1.20(83)	1.97(69)	-0.27(38)	0.14(46)	0.11(51)	8.73(50)	21.16(84)	23.6(48)	41.52(79)	295	335
Ma016	-1.26(8)	-0.05(36)	-1.45(18)	1.68(78)	-0.51(5)	-0.11(25)	-16.18 (4)	-2.27(40)	-64.70(14)	9.27(54)	49	233
Ma017	0.73(69)	0.07(40)	4.01(90)	0.23(52)	0.22(64)	0.10(50)	16.52(68)	21.26(85)	21.75(55)	52.08(83)	346	310
Ma018	0.86(74)	1.42(87)	1.51(62)	2.009(84)	-0.06(21)	0.23(68)	11.93(55)	5.96(58)	44.06(68)	59.54(87)	280	384
Ma019	0.45(60)	1.21(85)	-1.12(24)	1.71(80)	0.17(53)	0.56(88)	5.81(42)	8.36(64)	-38.17(27)	48.84(81)	206	398
Ma020	0.26(57)	0.26(56)	1.93(68)	2.03(85)	0.32(71)	0.76(91)	0.37(31)	2.48(52)	-58.57(17)	5.42(48)	244	332
Ma021	1.20(85)	1.74(90)	3.01(82)	2.47(90)	0.31(69)	0.86(93)	20.46(75)	5.43(57)	57.55(78)	16.79(60)	389	390
Ma022	1.21(86)	1.59(89)	0.76(49)	1.52()	0.25(66)	-0.04(36)	14.09(61)	13.44(76)	78.86(88)	20.46(62)	250	338
Ma023	0.22(55)	-0.10(35)	0.05(20)	-0.05(43)	0.18(55)	-0.03(38)	6.7044()	-17.54(7)	28-54(61)	-23.78(23)	255	146
Ma024	0.55(65)	0.44(63)	0.45(46)	0.56(61)	0.33(73)	0.16(55)	4.4139()	1.43(49)	38.91(66)	-2.04(42)	289	270
Ma025	0.06(43)	0.31(60)	3.08(84)	-1.99(7)	0.17(52)	0.42(79)	13.7760()	-3.43(32)	37.11(65)	8.76(52)	304	230
Ma026	0.07(45)	0.70(71)	1.55(63)	1.12(68)	0.38(79)	0.21(61)	-1.53(26)	1.006(48)	33.86(62)	33.92(70)	275	318
Ma027	-0.44(22)	0.22(53)	-2.18(14)	2.94(91)	-0.24(10)	-0.30(11)	-7.73(16)	10.68(69)	-61.77(16)	55.48(84)	78	308
Ma028	-0.93(11)	-1.24(6)	-1.06(27)	-0.37(35)	-0.19(11)	-0.60*(3)	-9.23(12)	4.32(56)	-64.83(13)	-8.23(38)	74	138
Ma030	0.20(52)	0.94(78)	1.39(58)	0.98(65)	0.35(76)	0.18(57)	50.16(93)	23.67(87)	-14.39(37)	57.39(86)	316	373
Ma031	1.48(90)	0.50(65)	3.96(89)	-0.24(39)	0.41(82)	0.21(62)	23.63(80)	-4.87(29)	96.41(93)	-8.81(37)	434	232
Ma032	0.26 (58)	0.11(43)	0.18(41)	1.20(71)	0.32(70)	0.30(46)	12.35(56)	15.24(77)	22.91(56)	39.28(75)	271	312

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

Ma033	0.50(62)	0.53(67)	1.21(57)	-0.88(28)	0.28(67)	-0.16(19)	31.47(92)	-11.25(16)	83.09(89)	-36.06(17)	367	147
Ma034	0.91(77)	-0.29(27)	2.40(74)	-0.44(33)	0.34(75)	-0.17(17)	27.39(89)	3.37(54)	86.02(90)	34.21(71)	405	202
Ma035	1.05(83)	0.23(54)	3.03(83)	1.06(67)	0.57(89)	0.32(72)	18.67(70)	11.15(71)	57.52(77)	6.04(49)	402	313
Ma036	1.48(91)	0.31(59)	3.92(88)	0.56(30)	0.43(83)	0.22(65)	18.90(71)	-9.43(21)	56.90(76)	-28.70(21)	409	196
Ma037	0.51(63)	-0.58(20)	1.43(59)	-1.60(12)	0.11(41)	-0.21(15)	25.30(84)	-23.47(4)	59.81(79)	-77.35*(3)	326	54
Ma038	-1.55(5)	-0.84(13)	-2.77(9)	-1.07(21)	0.07(19)	-0.29(12)	-4.55(19)	11.73(73)	-53.33(21)	40.64(76)	73	205
Ma039	-1.63*(4)	-2.16*(2)	-4.01(5)	-2.24(6)	-0.30(9)	-0.91**(2)	-10.93(9)	-12.91(13)	-83.24(9)	-37.22(16)	36	39
Ma040	-0.53(19)	0.15(46)	-0.23(36)	-0.52(31)	-0.09(17)	-0.08(30)	18.98(72)	-4.31(30)	1.61(46)	-20.48(25)	190	162
Ma042	-0.61(15)	0.12(44)	2.84(80)	-0.94(25)	-0.02(25)	-0.14(20)	9.57(52)	2.60(53)	-6.72(40)	-18.64(27)	212	169
Ma043	-2.03*(3)	0.57(21)	-6.96*(1)	-2.55(4)	-0.96**(1)	-0.40(7)	-27.79(1)	-24.62(2)	-142.48**(1)	-55.55(8)	7	42
Ma044	0.23(56)	-0.82(14)	0.26(44)	-1.09(20)	0.09(39)	-0.95**(1)	8.07(49)	-1.82(42)	46.94(69)	-11.94(34)	257	111
Ma045	1.03(81)	0.17(50)	2.95(81)	1.007(66)	0.54(88)	0.33(73)	17.82(69)	11.12(70)	47.66(70)	5.40(47)	389	306
Ma046	-0.72(13)	-0.31(26)	-1.49(17)	1.95(83)	0.03(32)	0.56(87)	0.94(33)	-3.41(33)	-34.69(29)	-16.01(29)	124	258
Ma048	-0.37(26)	-0.04(38)	-2.76(10)	-1.50(13)	-0.87**(2)	-0.32(10)	-22.03(2)	-16.42(8)	-65.69(12)	-33.59(18)	52	87
Ma049	-0.07(38)	0.86(76)	-0.46(33)	2.32(87)	0.18(54)	0.64(89)	24.91(82)	16.75(79)	63.62(81)	0.55(46)	288	377
Ma050	0.54(64)	7.48(88)	1.64(65)	-0.65(29)	-0.03(23)	0.15(52)	19.81(74)	0.03(46)	63.08(80)	11.02(56)	306	371
Ma051	0.94(78)	0.75(73)	2.39(73)	0.38(54)	0.66(92)	0.38(75)	-3.68(22)	-8.43(23)	24.95(58)	6.41(50)	323	275
Ma052	-0.28(30)	-0.19(30)	-1.21(21)	0.11(45)	0.18(56)	0.21(59)	15.39(65)	-3.09(34)	-23.34(32)	22.42(63)	204	231
Ma053	0.87(75)	-0.02(39)	0.85(51)	-0.89(26)	0.21(61)	-0.58(4)	12.41(57)	10.09(67)	56.70(75)	14.94(59)	319	195
Ma054	0.03(42)	0.22(52)	81.20(79)	1.59(76)	0.25(65)	0.27(69)	19.36(73)	17.82(80)	17.07(54)	40.86(77)	313	354
Ma055	0.45(61)	0.66(69)	-1.29(20)	2.38(88)	0.47(86)	0.55(85)	13.43(59)	21.44(86)	-0.55(44)	48.35(82)	270	410
Ma057	0.87(76)	-0.10(34)	2.42(75)	0.03(44)	0.11(43)	-0.29(13)	11.32(53)	-15.48(9)	26.29(59)	-55.28(9)	306	109
Ma060	-0.80(12)	-0.15(33)	-1.56(15)	-0.49(32)	-0.41(7)	0.02(45)	-3.77(21)	-0.92(47)	-31.39(30)	-1.65(43)	85	200
Ma062	-0.71(14)	-1.26(5)	-5.45(3)	-1.23(17)	-0.09(16)	0.34(9)	-3.89(20)	-5.35(26)	-11.40(38)	-13.99(33)	91	90
Ma064	0.81(72)	1.01(79)	4.41(91)	-1.06(23)	0.44(84)	0.03(47)	22.02(77)	25.87(88)	80.79(73)	71.15(88)	397	325
Ma065	-0.10(36)	-1.21(9)	2.39(72)	-2.84(3)	0.22(62)	-0.09(27)	0.18(30)	-23.56(3)	-56.41(18)	-57.75(4)	218	46
Ma066	-0.53(18)	0.16(48)	-1.11(25)	1.35(72)	0.32(72)	0.23(67)	-8.84(13)	-9.97(20)	-92.35(6)	-0.55(44)	134	251
Ma072	1.15(84)	2.10(92)	1.45(61)	2.45(89)	0.60(90)	0.54(84)	12.88(58)	34.28(93)	51.95(74)	92.86(91)	367	449
Ma073	0.21(53)	-0.93(12)	2.46(76)	-0.38(34)	0.34(74)	-0.003(43)	27.38(88)	-18.64(6)	26.62(60)	-64.48(6)	351	101
Ma074	-0.56(17)	-1.44(3)	1.03(53)	0.15(47)	-0.004(27)	-0.08(29)	15.88(66)	-11.86(14)	15.12(52)	-22.07(19)	215	112
Ma075	0.01(41)	-0.17(31)	-0.64(29)	-0.89(27)	0.13(45)	0.15(53)	1.87(34)	7.12(60)	-0.05(45)	39.21(74)	194	245
Ma076	1.39(87)	0.30(58)	0.91(52)	-1.003(24)	0.46(85)	0.44(81)	25.56 (85)	8.008(63)	70.83(84)	41.88(80)	293	306
Ma077	0.66(67)	-0.40(24)	1.75(66)	-0.29(37)	0.19(57)	-0.05(28)	24.62(81)	-0.36(43)	73.91(86)	-9.73(36)	357	168
Ma079	1.65(92)	0.09(41)	0.81(50)	-1.25(16)	0.86(93)	-0.04(35)	23.37(79)	-3.08(35)	88.24(91)	-15.32(31)	405	158
Ma080	-0.23(33)	-0.15(32)	-1.14(23)	0.13(46)	0.19(58)	0.22(66)	15.94(67)	-2.78(38)	-23.18(34)	24.03(65)	215	247
Ma083	-1.37(7)	-0.80(15)	-3.00(8)	-1.67(10)	0.02(29)	-0.009(42)	-0.84(29)	12.21(74)	-48.07(23)	29.08(66)	96	207
Ma085	-0.37 (27)	0.52(66)	-2.49(12)	-1.43(14)	-0.44(6)	0.30(70)	-15.67(6)	-11.84(15)	-74.98(10)	-60.61(7)	61	172
Ma089	0.99(80)	1.13(81)	1.45(60)	2.25(86)	0.02(30)	0.22(63)	25.73(86)	-14.40(10)	68.21(82)	-43.50(13)	338	253
Ma091	0.71(68)	1.13(82)	1.09(55)	0.15(48)	0.62(91)	0.36(74)	-2.61(23)	-0.22(44)	-11.05(39)	9.62(55)	276	303
Ma096	0.12(48)	0.66(70)	1.20(56)	0.59(62)	-0.06(22)	0.19(58)	24.99(83)	9.97(66)	70.30(83)	32.97(69)	292	325
Ma098	0.09(47)	0.15(45)	2.08(71)	1.88(82)	0.16(49)	0.16(54)	14.81(64)	16.12(78)	49.63(71)	55.93(85)	302	344
Ma100	-0.40(24)	-2.41**(1)	-0.11(38)	-3.07(2)	0.11(42)	-0.58(5)	13.80(8)	-30.83*(1)	-111.93*(4)	-103.09**(1)	116	10
Ma104	0.07(39)	1.02(80)	1.77(67)	0.66(63)	0.13(44)	0.42(80)	26.29 (87)	31.28(90)	72.93(85)	75.37(89)	322	402
Ma105	-0.95(10)	1.10(42)	-4.32(4)	0.38(53)	-0.09(18)	0.80(92)	-8.66(14)	18.41(81)	-85.64(8)	6.95(51)	54	319
Ma106	-0.44(21)	0.29(57)	-1.07(26)	-1.09(19)	-0.12(13)	-0.05(32)	-2.22(24)	6.11(59)	-72.21(11)	-5.74(40)	95	207
Ma107	0.21(54)	0.64(68)	0.25(42)	-1.06(22)	0.03(31)	-0.20(16)	6.84(46)	20.60(83)	13.46(50)	32.07(68)	223	257
Ma108	0.99(79)	1.77(91)	2.74(77)	1.71(79)	0.01(28)	-0.12(22)	14.79(63)	19.90(82)	-19.86(35)	83.42(90)	282	364
Ma109	0.80(71)	0.25(55)	0.68(48)	-1.61(11)	0.09(37)	-0.44(6)	-9.55(11)	-2.04(41)	-48.52(22)	-36.90(22)	189	135
Ma110	-1.49(6)	-0.79 (16)	-3.28(6)	-2.31(5)	-0.12(12)	-0.25(14)	-1.51(27)	-3.77(31)	-56.13(19)	-41.88(14)	70	80
Ma111	0.71(93)	2.53(93)	4.65(92)	3.005(92)	0.36(77)	0.39(76)	31.02(91)	32.43(91)	95.77(92)	126.32(93)	445	445
Ma112	-0.27(31)	-0.61 (19)	3.31(86)	0.44(58)	0.22(63)	-0.07(33)	11.42(54)	-14.16(11)	-1.96(43)	-73.98(5)	277	126
Ma113	-2.05*(2)	0.42(62)	7.40(93)	1.74(81)	-0.41(8)	0.41(78)	-16.12(5)	-23.36(5)	-97.48*(4)	-90.79*(2)	112	228
Ma114	0.13(50)	0.72(72)	-0.44(34)	1.36(73)	0.19(60)	-0.12(23)	30.63(90)	27.16(89)	34.96(63)	32.04(67)	297	324
Ma115	-0.40(25)	-0.43(23)	-3.26(7)	-0.17(41)	-0.58(3)	-0.12(21)	-13.83(7)	7.97(62)	-93.98(5)	19.70(61)	48	208
Ma116	0.08(46)	-0.23(29)	-2.34(13)	0.43(57)	0.09(38)	-0.04(37)	0.53(32)	-5.06(27)	-42.74(25)	-5.68(41)	154	191
Ma117	0.58(66)	-1.17(10)	-2.70(11)	-3.21(1)	-0.11(14)	0.22(64)	2.55(36)	-11.19(17)	-25.42(31)	-52.59(10)	158	102
Ma118	0.18(51)	0.45(64)	-1.15(22)	0.43(56)	-0.09(15)	-0.01(41)	22.75(78)	-8.74(22)	50.39(72)	-20.87(24)	238	207
Ma119	02.33**(1)	1.22(8)	-5.49(2)	-1.21(18)	-0.54(4)	-0.38(8)	-18.13(3)	-11.18(18)	-122.70*(2)	-50.51(11)	15	63
Ma120	-0.46(20)	-0.04(37)	-0.52(32)	-1.78(8)	0.05(33)	-0.08(31)	5.27(40)	12.96(75)	13.25(49)	12.24(57)	174	208
Ma121	0.13(49)	-0.67(18)	3.15(85)	6.17(93)	0.09(40)	-0.02(39)	21.62(76)	-13.43(12)	76.80(87)	-38.48(15)	337	177
Ma122	0.74(70)	-1.30(4)	0.67(47)	-1.40(15)	-0.07(20)	-0.17(18)	-1.45(28)	3.73(55)	-44.87(24)	-7.34(39)	189	131
Ma123	-0.08(37)	-1.20(84)	1.07(54)	1.20(70)	0.07(34)	-0.11(24)	6.97(47)	33.19(92)	-3.61(42)	101.52(92)	214	362
h^2 (%)	**65.98**	**84.77**	**63.55**	**77.74**	**64.32**	**86.23**	**72.15**	**81.97**	**82.52**	**84.31**	**-**	**-**

EL: طول بلال، ED: قطر بلال، NKR: تعداد دانه در ردیف، NKE: تعداد دانه در بلال، EY: وزن دانه در بلال (عملکرد اقتصادی)، N: محیط نرمال، ZD: محیط کمبود روی، Sum of ranks: مجموع رتبه هر ژنوتیپ بر اساس صفات مورد مطالعه در هر یک از شرایط مورد بررسی

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ارزش اصلاحی

در ادامه گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ارزش اصلاحی انجام شد. براساس نتایج گروه‌بندی ژنوتیپ‌های ذرت در شرایط نرمال با استفاده از تجزیه خوشه‌ای با ارزش اصلاحی صفات به جای ارزش فنوتیپی که متشکل از ارزش ژنوتیپی، اثرات محیطی و اثرات متقابل بین این دو است (Fehr 1991)، ژنوتیپ‌های ذرت در شش گروه به‌ترتیب ٤٠، ٢١، ١٧، ٦، ٨ و ١ ژنوتیپ قرار گرفتند (شکل A٢). بر اساس نتایج مقایسه میانگین، ژنوتیپ‌های گروه اول از نظر کلیه صفات مورد بررسی دارای ارزش اصلاحی متوسط و مثبتی بودند. گروه دوم دارای ارزش اصلاحی مثبت و متوسط رو به بالا، گروه سوم و چهارم از نظر کلیه صفات دارای ارزش اصلاحی منفی و پایین، گروه پنجم دارای ارزش اصلاحی مثبت، بالا و متوسط و گروه ششم دارای ارزش اصلاحی منفی برای تمامی صفات (به‌جز تعداد دانه در ردیف) بودند (جدول ٥).

در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها تحت شرایط کمبود روی (شکل B٢)، ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر ارزش اصلاحی صفات در هشت گروه طبقه‌بندی شدند. در گروه اول ژنوتیپ‌های (Ma001, Ma007, Ma014, Ma023, Ma033, Ma048, Ma057, Ma065, Ma073, Ma074, Ma037, Ma043, Ma085, Ma112, Ma117) قرار گرفتند که از نظر تمامی صفات مورد بررسی دارای ارزش اصلاحی منفی بودند. این موضوع نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها والدین مناسبی برای انتقال صفات به نتاج نیستند. در گروه دوم، سوم و چهارم ژنوتیپ‌هایی قرار گرفتند که از نظر صفات مورد بررسی دارای ارزش اصلاحی مثبت و متوسط بودند. در گروه پنجم، ششم و هفتم ژنوتیپ‌هایی قرار گرفتند که برای تمامی صفات دارای ارزش اصلاحی پایین و منفی (به‌جز عملکرد اقتصادی در گروه پنجم) بودند. در گروه هشت ژنوتیپ‌هایی قرار گرفتند که برای تمامی صفات (به جزء تعداد دانه در بلال با ارزش اصلاحی منفی) دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالایی بودند. از ژنوتیپ‌های این گروه می‌توان در برنامه‌های دورگ‌گیری ذرت جهت افزایش ارزش نسبی صفات استفاده کرد. با توجه به اینکه در گروه‌بندی بر اساس ارزش اصلاحی تنها اثرات افزایشی در نظر گرفته می‌شوند، بنابراین گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ارزش اصلاحی برآورد شده می‌تواند دقیق‌تر باشد.

در تحقیقات مختلفی برآورد ارزش اصلاحی صفات با استفاده از نشانگرها بر اساس روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) انجام گرفته است. برآورد ارزش اصلاحی در این تحقیق بر اساس نشانگرهای پلی‌مورفیسم تک نوکلئوتیدی (SNP) یک حوزه تحقیقاتی مهم با هدف افزایش انعطاف‌پذیری محصول در برابر کمبود روی است. کمبود روی یک تنش غیرزیستی گسترده است که به‌طور قابل‌توجهی بر عملکرد و کیفیت غذایی ذرت تأثیر می‌گذارد. کمبود روی یکی از شایع ترین اختلالات ریز مغذی است که غلات را در سطح جهان تحت تأثیر قرار می‌دهد، به‌طوری که تقریباً ٥٠ درصد از خاک‌های زراعی فاقد سطح کافی روی هستند، در نتیجه یک چالش جدی برای بهره‌وری کشاورزی و امنیت غذایی، به‌ویژه در مناطق در حال توسعه می‌باشد که در آنجا ذرت منبع غذایی اصلی محسوب می‌شود (Xu et al. 2021; Zhang et منظور بررسی ارزش اصلاحی صفات مورفوفیزیولوژیک مرتبط با عملکرد در ذرت تحت شرایط نرمال و تنش شوری، یافته‌ها نشان از تنوع بالا بین ژنوتیپ‌ها داشته و با برآورد ارزش اصلاحی با استفاده از پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) بر اساس داده‌های مولکولی SNP، در شرایط نرمال تعداد ٤ ژنوتیپ و تحت تنش شوری تعداد ٥ ژنوتیپ که بالاترین رتبه ارزش اصلاحی داشتند به‌عنوان والدین مطلوب برای تلاقی در برنامه‌های به‌نژادی معرفی شدند (Afrouz et al. 2023). در مطالعه برآورد ارزش اصلاحی صفات زراعی ٥٥ ژنوتیپ ذرت دانه‌ای بر اساس نشانگرهای SNP با استفاده از بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) نتایج نشان داد که بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی ژنوتیپ ٢٥*/٨٩ از لحاظ تاریخ ظهور گل نر، ژنوتیپ P13L2 از نظر میزان کلروفیل، ژنوتیپ s2/QPM/SUKMA از لحاظ وزن خشک بوته، طول برگ، ارتفاع بوته، ژنوتیپ R59 از نظر تاریخ ظهور بلال اول، ژنوتیپ ١٢٦٤/١ از لحظ تاریخ ظهور بلال دوم و ژنوتیپ P16L4Kahia از لحاظ وزن دانه در بوته دارای ارزش اصلاحی مثبت بالا بودند. در تحقیق ایشان ژنوتیپ‌های P10L5, P16L6 Kahia, P10L7, P10L9 از نظر مجموع ارزش‌های اصلاحی صفات بالاترین رتبه را داشتند (Heibat et al. 2022). در تحقیق تخمین ارزش اصلاحی صفات ٤٥ رقم انگور با استفاده از نشانگرهای مولکولی و روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP)، نتایج نشان داد که برخی از ارقام

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

از لحاظ صفات دارای بالاترین میزان ارزش اصلاحی بوده و می‌توان از این ارقام به‌عنوان والد مناسب برای اصلاح صفات در برنامه‌های تلاقی انگور استفاده کرد (Razi et al. 2021). در مطالعات دیگری برای تخمین ارزش اصلاحی صفات از جمله در گندم (Roudbari et al. 2017)، در ذرت (Oliveira et al. 2016)، در توتون شرقی (Tahmasbali et al. 2020)، در هلو (de Souza et al. 2000; Fresnedo-Ramirez et al. 2016)، در گردو (Martinez-Garcia et al. 2017) و در مرکبات (Imai et al. 2016) از نشانگرهای مولکولی استفاده شده است.

جدول ۵ – مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه در ذرت بر اساس ارزش اصلاحی در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای در محیط نرمال

گروه Cluster	تعداد ژنوتیپ N	EL	NKR	ED	EY	NKE
1	40	0.0771b	0.544b	0.1311bc	10.745b	8.63b
	Ma001, Ma003, Ma005, Ma006, Ma007, Ma012, Ma013, Ma019, Ma020, Ma023, Ma024, Ma025, Ma032, Ma040, Ma042, Ma044, Ma049, Ma050, Ma052, Ma054, Ma055, Ma065, Ma073, Ma074, Ma075, Ma080, Ma096, Ma098, Ma104, Ma107, Ma109, Ma112, Ma114, Ma116, Ma117, Ma118, Ma120, Ma121, Ma122, Ma123					
2	21	0.8760a	2.153b	0.2821b	14.448ab	41.58ab
	Ma002, Ma008, Ma010, Ma015, Ma017,Ma018, Ma021, Ma022, Ma026, Ma033, Ma034, Ma036, Ma037, Ma051, Ma053, Ma057, Ma064, Ma077, Ma089, Ma091, Ma108					
3	17	-0.8352c	-2.028c	-0.0243c	-6.238c	-61.81c
	Ma004, Ma009, Ma011, Ma014, Ma027, Ma028, Ma038, Ma039, Ma046, Ma060, Ma062, Ma066, Ma083, Ma100, Ma105, Ma106, Ma110					
4	6	-1.1310c	-3.739c	-0.6533d	-18.943c	-94.09c
	Ma016, Ma043, Ma048, Ma085, Ma115, Ma119					
5	8	1.2121a	2.399b	0.5249a	25.394a	61.75a
	Ma030,Ma031, Ma035, Ma045, Ma072, Ma076, Ma079, Ma111					
6	1	-2.0534d	7.405a	-0.4134d	-16.120c	-97.48c
	Ma113					

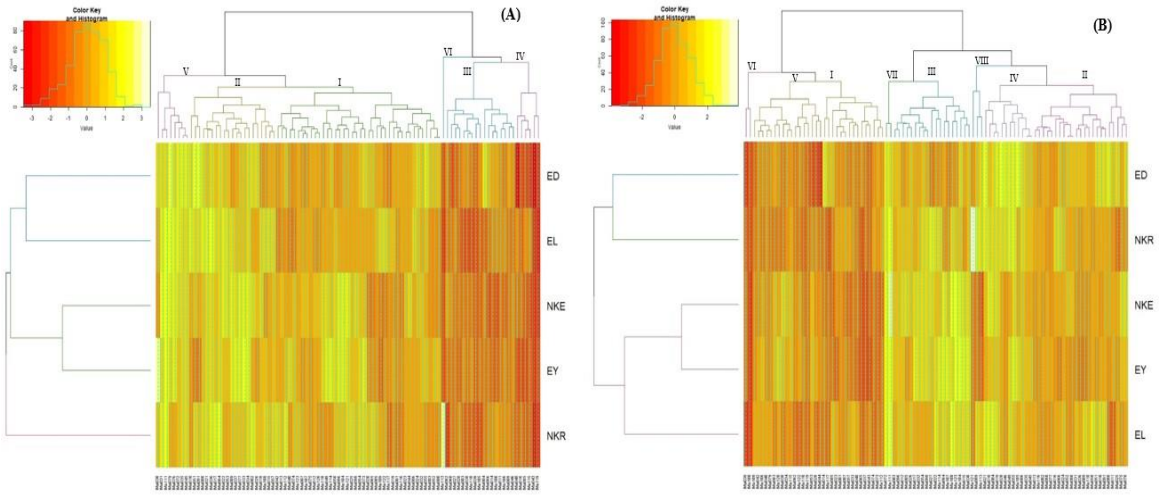
EL: طول بلال، ED: قطر بلال، NKR: تعداد دانه در ردیف، NKE: تعداد دانه در بلال، EY: وزن دانه در بلال (عملکرد اقتصادی)

جدول ٦– مقایسه میانگین صفات مورد مطالعه در ذرت بر اساس ارزش اصلاحی در گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای در محیط کمبود روی

گروه Cluster	تعداد ژنوتیپ N	EL	NKR	ED	EY	NKE
1	15	-0.4815c	-1.0588e	-0.0515cd	-14.588e	-49.29d
	Ma001, Ma007, Ma014, Ma023, Ma033, Ma048, Ma057, Ma065, Ma073, Ma074, Ma037, Ma043, Ma085, Ma112, Ma117					
2	23	0.1642bc	0.0126de	0.2018bc	-2.274d	1.90c
	Ma002, Ma008, Ma009, Ma010, Ma011, Ma013, Ma016, Ma024, Ma025, Ma031, Ma050, Ma051, Ma052, Ma060, Ma066, Ma075, Ma076, Ma077, Ma036, Ma080, Ma091, Ma116, Ma118					
3	19	0.7086b	0.8984cd	0.0589c	16.951b	48.85b
	Ma003, Ma005, Ma012, Ma015, Ma017, Ma022, Ma026, Ma027, Ma030, Ma032, Ma054, Ma064, Ma096, Ma098, Ma104, Ma107, Ma108, Ma114, Ma123					
4	12	0.6740b	1.7005bc	0.5556a	9.959bc	19.30c
	Ma004, Ma006, Ma018, Ma019, Ma020, Ma021, Ma035, Ma045, Ma046, Ma049, Ma055, Ma105					
5	17	-0.4816c	-1.1247e	-0.2824d	2.562cd	-4.13c
	Ma028, Ma053, Ma062, Ma034, Ma038, Ma040, Ma042, Ma044, Ma079, Ma083, Ma106, Ma109, Ma110, Ma115, Ma119, Ma120, Ma122					
6	2	-2.2930d	-2.6571f	-0.7491e	-21.876e	-70.16d
	Ma039, Ma100					
7	2	2.3201a	2.7290ab	0.4700ab	33.359a	109.59a
	Ma072, Ma111					
8	3	0.2958bc	3.3887a	0.2050bc	-17.068e	-57.60d
	Ma089, Ma113, Ma121					

EL: طول بلال، ED: قطر بلال، NKR: تعداد دانه در ردیف، NKE: تعداد دانه در بلال، EY: وزن دانه در بلال (عملکرد اقتصادی)

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]



شکل ۲- دندروگرام حاصل از خوشه‌بندی سلسله مراتبی ۹۳ ژنوتیپ ذرت بر اساس ارزش اصلاحی ویژگی‌های بلال تحت شرایط A) نرمال و B) کمبود روی

به احتمال زیاد ژنوتیپ‌های هر خوشه قرابت و تشابه ژنتیکی بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های متفاوت دارند. در نتیجه در برنامه‌های دورگ‌گیری برای بهره‌وری بیشتر از پدیده‌هایی مانند هتروزیس و تفکیک متجاوز منطقی است ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های مختلف با ارزش میانگین متفاوت، استفاده شوند. در این میان احتمالاً استفاده از گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر پایه ارزش‌های اصلاحی برآورد شده بالقوه بهتر از گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر پایه ارزش‌های فنوتیپی باشد. البته صحت ادعا باید با انجام تلاقی افراد از گروه‌های مختلف و بررسی ارزش نتاج بررسی شود. 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 غیرافزایشی (اثر متقابل بین مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات) هم نقش دارند. اما در گروه‌بندی بر اساس ارزش اصلاحی، تنها اثرات انتقال‌پذیر به نسل بعد (اثرات افزایشی) نقش دارند.

نتیجه‌گیری کلی

برآورد ارزش اصلاحی در ذرت در شرایط کمبود روی و نرمال تاکنون انجام نگرفته است. در این مطالعه ارزش اصلاحی برای ویژگی‌های بلال ۹۳ ژنوتیپ ذرت بر پایه ماتریس شباهتی که از طریق نشانگرهای مولکولی SNP محاسبه شده بود و همچنین داده‌های فنوتیپی صفات که در قالب طرح آزمایشی اندازه‌گیری شده بود با استفاده از مدل خطی مخلوط برآورد شد. در شرایط کمبود روی ژنوتیپ Ma111 برای صفت طول بلال، ژنوتیپ Ma121 برای صفت تعداد دانه در ردیف، ژنوتیپ Ma021 برای صفت قطر بلال، ژنوتیپ Ma072 برای عملکرد اقتصادی و ژنوتیپ Ma111 از نظر صفت تعداد دانه در بلال بالاترین ارزش اصلاحی نشان دادند. در شرایط نرمال ژنوتیپ‌های Ma111 (طول بلال)، Ma113 (تعداد دانه در ردیف)، Ma079 (قطر بلال)، Ma030 (عملکرد اقتصادی) و Ma031 (تعداد دانه در بلال) بالاترین ارزش اصلاحی برای صفات مورد مطالعه نشان دادند که نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها دارای پتانسیل بیشتری در انتقال ارزش صفات به نسل بعد هستند، بنابراین می‌توان در محیط‌های کمبود روی از این ژنوتیپ‌ها به عنوان والد مناسب برای اصلاح این صفات در برنامه‌های تلاقی ذرت استفاده کرد. با در نظر گرفتن مجموع ارزش اصلاحی کل صفات مورد مطالعه، در شرایط کمبود روی بالاترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ‌های Ma072, Ma111, Ma055, Ma104, Ma019 مشاهده شد. ژنوتیپ Ma072 بالاترین رتبه (٤٤٩) را در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در محیط کمبود روی نشان داد. در این ژنوتیپ تمامی صفات مورد مطالعه دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالا بودند. در شرایط نرمال بیشترین میزان ارزش اصلاحی در ژنوتیپ‌های Ma111, Ma031, Ma036,Ma035, Ma034, Ma079 مشاهده شد. ژنوتیپ Ma111 تنها ژنوتیپی بود که در هر دو محیط نرمال (٤٤٥) و کمبود روی (٤٤٥) بالاترین مجموع ارزش اصلاحی را نشان داد. تمامی صفات مورد مطالعه در این ژنوتیپ دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالا در هر دو محیط نرمال و کمبود روی بودند. می‌توان

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

چنین استنباط نمود که این ژنوتیپ تنها ژنوتیپ پایدار در هر دو محیط می‌باشد. بنابراین این ژنوتیپ به‌عنوان ژنوتیپ امیدبخش و دارای بالاترین ارزش‌های اصلاحی برای صفات مورد مطالعه معرفی می‌شود. در تجزیه خوشه‌ای اساس ارزش اصلاحی در محیط کمبود روی گروه هفتم شامل دو ژنوتیپ Ma072 و Ma111 بود که از لحاظ مجموع ارزش اصلاحی در محیط کمبود روی در رتبه اول و دوم بودند. لذا این گروه به‌عنوان بهترین گروه از نظر ارزش‌های اصلاحی در آزمایش حاضر شناخته شد. ارزش اصلاحی مثبت و بالا نشان می‌دهد سهم اثرات افزایشی در کنترل صفات مورد مطالعه در این ژنوتیپ‌ها بیشتر بوده و این ژنوتیپ‌ها به‌عنوان والد مناسب، بیشترین ظرفیت انتقال ارزش نسبی صفات را به نسل بعد دارند. بنابراین از ژنوتیپ‌های این گروه می‌توان در برنامه‌های دورگ‌گیری ذرت جهت افزایش ارزش نسبی صفات استفاده نمود. صفت تعداد دانه در بلال در محیط نرمال و صفت قطر بلال در محیط کمبود روی دارای بالاترین مقدار وراثت‌پذیری بودند. بنابراین گزینش بر پایه فنوتیپ در اصلاح و بهبود این صفات باعث افزایش بازده گزینش خواهد شد. برآورد ارزش اصلاحی در غلات به خصوص در ذرت تاکنون کمتر انجام گرفته است. بنابراین با توجه به هدف اصلی به‌نژادگران که ایجاد بهترین ترکیب صفات در یک فرد است، لذا نتایج حاصل از برآورد ارزش‌های اصلاحی به‌ویژه در محیط کمبود روی در این پژوهش می‌تواند جهت انتخاب بهترین افراد از نظر ارزش اصلاحی برای توسعه جمعیت‌های اصلاحی مرتبط با کمبود روی و برنامه‌های مکان‌یابی ژن مورد استفاده قرار گیرد.

منابع

Afrouz G, Darvishzadeh R, Alipour H, José Marcelo Soriano V, Akbari N (2023) Estimation of breeding value of seed related morpho-physiological traits in maize (*Zea mays* L.) under normal and salinity stress conditions based on SNP marker. Journal of Field Crop Science 4, 1: 183-196. (In Farsi).

Afrouz G, Darvishzadeh R, Alipour H, Viana JMS, Razi M (2021) Estimating breeding value of agrobiologic traits in maize (*Zea mays* L.) under normal and salinity stress conditions based on single nucleotide polymorphism (SNP) marker. Cereal Res 11: 55-75. (In Farsi).

Alloway B (2008) Zinc in Soils and Crop Nutrition. 2nd edition, published by IZA and IFA, Brussels, Belgium and Paris, France.

Bauer AM, Reetz TC, Léon J (2006) Estimation of breeding values of inbred lines using best linear unbiased prediction (BLUP) and genetic similarities. Journal of Crop Science and Biotechnology 46: 2685 -2691.

Bernardo R, Yu J (2007) Prospects for genomewide selection for quantitative traits in maize. Crop Science 47: 1082-1090.

Cakmak I, Graham R, Welch R.M (2002) Agricultural and molecular genetic approaches to improving nutrition and preventing micronutrient malnutrition globally, in *Encyclopedia of Life Support Systems*, I. Cakmak and R.M. Welch, Editors. Eolss Publishers, Oxford, 1075-1099.

Coulter JA, Nafziger ED, Janssen MR, Pedersen P (2010) Response of Bt and near isoline corn hybrids to plant density. Journal Agronomy 102:103-111.

De Souza VA, Byrne DH, Taylor JF (2000) Predicted breeding values for nine plant and fruit characteristics of 28 peach genotypes. Journal of the American Society for Horticultural Science 125: 460-465.

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.

Farshadfar E (1998) Plant breeding methodology. Kermanshah University Press (In Farsi).

Graham RD, Welch R.M (1996) Breeding for staple-food crops with high micronutrient density, in *Working Papers on Agricultural Strategies for Micronutrients, No. 3*. International Food Policy Research Institute: Washington, D.C. 1–72.

Ghodsizad L, Rahimzadeh Khoei F, Sadeghzade B (2013) Zinc absorption evaluation in barley varieties and landraces under cold dryland conditions. Master of Science, Tabriz Azad University. (In Farsi).

Ghahramani S, Darvishzadeh R (2021) Estimating breeding value of agro-biological traits in maize using IRAP and REMAP markers. Crop Biotechnol 11: 33-48 (In Farsi).

Hanway JJ (1971) How a corn plant develops. Iowa Cooperation and Extension Services Special Report 48, India.

Heibati S, Maref W, Saber HH (2021) Assessing the energy, indoor air quality, and moisture performance for a three-story building using an integrated model, part two. Integrating the indoor air quality, moisture, and thermal comfort. Energies 14: 4915.

Imai A, Kuniga T, Yoshioka T, Nonaka K, Mitani N, Fukamachi H, Hiehata N, Yamamoto M, Hayashi T (2016)

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

Evaluation of the best linear unbiased prediction method for breeding values of fruit-quality traits in citrus. Tree Genetics and Genomes 12: 1-11.
Irshad-ul-Haq M, Ajmal S, Munir M, Gulfaraz M (2010) Gene action studies of different quantitative traits in maize. Pak. Journal of Botany 42: 1021-1030.
Lipka AE, Tian F, Wang Q, Peiffer J, Li M, Bradbury PJ, Gore MA, Buckler ES, Zhang Z (2012) GAPIT: genome association and prediction integrated tool. Bioinformatics 28(18): 2397-2399.
Liu C, Yu W, Cai C, Huang S, Wu H, Wang Z, Wang P, Zheng Y, Wang P, Ye N (2022) Genetic diversity of tea plant (*Camellia sinensis* (L.) Kuntze) germplasm resources in Wuyi Mountain of China based on single nucleotide polymorphism (SNP) markers. Horticulturae 8: 932.
Malakouti MJ (2005) The role of zinc in plant growth and enhancing animal and human health. In Regional Expert Consultation on Land Degradation, Plant, Animal and Human Nutrition, Damascus (Syria), 20-23.
Mansori S, Mehrabi AA, Mohammadi V, Arminian A, Roder M (2017) Genetic variation, population structure and linkage disequilibrium in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes using SNP markers. Modern Genetics Journal 1: 157-168.
Martinez-Garcia PJ, Famula R, Leslie CA, Mcgranahan GH, Famula TR, Neale DB (2017) Predicting breeding values and genetic components using generalized linear mixed models for categorical and continuous traits in walnut (*Juglans regia*). Tree Genetics and Genomes 13: 1-12.
Meuwissen T, Goddard M (2010) Accurate prediction of genetic values for complex traits by whole-genome resequencing. Genetics 185: 623-631.
Meuwissen T HE (2009) Accuracy of breeding values of 'unrelated' individuals predicted by dense SNP genotyping. Genetics Selection Evolution 41: 35-47.
Meuwissen, T. H. E., B. Hayes, M. E. Goddard (2001). Prediction of total genetic value using genomewide dense marker maps. Genetics 157: 1819–1829.
Mihailov ME, Chernov A A (2006) Using double haploid lines for quantitative trait analysis. Maize Genet. Cooper Newsl 80: 30.
Mir Mohammadi Maibody SAM, Golkar P (2019) Application of DNA molecular markers in plant breeding. Plant Genetic Resources 6: 1 -30 (In Farsi).
Molazem D (2018) Investigation of yield, yield components and indices of salt tension tolerance in maize cultivars. Crop Physiology Journal 10: 93-111.
Oliveira G H, Buzinaro R, Revolti L, Giorgenon C H, Charnai K, Resende D, Moro GV (2016) An accurate prediction of maize crosses using diallel analysis and best linear unbiased predictor (BLUP). Chilean Journal of Agricultural Research 76: 294-299.
Piepho H, Mohring J, Melchinger A Buchse 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 E, Martinez-Gomez P (2021) Estimating breeding value of pomological traits in grape cultivars based on REMAP molecular markers. Journal of Plant Productions 44.
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: 1495-1503.
Sajedi N, Ardekani A (2008) Effect of nitrogen fertilizer, iron on the physiological indices forage maize in central provinces. Journal of Field Crops Research 6: 99-110. (In Farsi).
Semagn K, Bjørnstad Å, Xu Y (2010) The genetic dissection of quantitative traits in crops. Electronic Journal of Biotechnology 13: 16-17.
Tahmasbali M, Darvishzadeh R, Fayaz Moghaddam A (2020) Estimating breeding value of agronomic traits in oriental tobacco genotypes under Broomrape stress and normal vonditions. Plant Genet 7: 103-126 (In Farsi).
Villumsen TM, Janss L (2009) Bayesian genomic selection: the effect of haplotype length and priors. BMC Proceedings 3:S11.
Xiao Y, Tong H, Yang X, Xu S, Pan Q, Qiao F, Raihan MS, Luo Y, Liu H, Zhang X, Yang N, Wang X, Deng M, Jin M, Zhao L, Luo X, Zhou Y, Li X, Liu J, Zhan W, Liu N, Wang H, Chen G, Cai Y, Xu G, Wang W, Zheng D, Yan J (2016) Genomewide dissection of the maize ear genetic architecture using multiple populations. New Phytologist 210: 1095-1106.
Xu J, Wang X, Zhu H, Yu F (2021) Identification and Analysis of Zinc Efficiency-Associated Loci in Maize. Front. Plant Science 12: 739282.
Zhang X, Zhang H, Li L, Lan H, Ren Z, Liu D, Wu L, Liu H, Jaqueth J, i B, Pan G, Gao Sh (2016) Characterizing the population structure and genetic diversity of maize breeding germplasm in Southwest China using genome-wide SNP markers. BMC Genomics 17: 697

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]