



تخمین ارزش اصلاحی صفات زراعی-زیستی ذرت (*Zea mays* L.) تحت شرایط نرمال و تنش شوری بر اساس نشانگر چند شکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNP)

گوهر افروز^۱، رضا درویش‌زاده^{۲*}، هادی علیپور^۳، جوز مارسلو سوریانو ویانا^۴ و میترا رازی^۵

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۱/۲۸

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۰/۲۹

چکیده

اولین گام در برنامه‌های به‌نژادی ذرت، استفاده از تنوع ژنتیکی موجود در بین جمعیت‌ها، ارقام و ژنوتیپ‌های موجود است. نشانگرهای مولکولی امکان برآورد ارزش اصلاحی صفات زراعی-زیستی ژنوتیپ‌ها را از طریق بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP) فراهم می‌کنند. در این پژوهش، ارزش اصلاحی ۷۳ لاین با تنوع فنوتیپی بالا برای ده صفت وزن صد دانه، روز تا رسیدگی، قطر بلال با دانه، طول بلال، طول برگ، تعداد برگ، وزن برگ، ارتفاع بوته، قطر ساقه و عملکرد دانه تحت شرایط نرمال و تنش شوری با استفاده از BLUP برآورد شد. با در نظر گرفتن مجموع رتبه ارزش‌های اصلاحی تمامی صفات مورد مطالعه تحت شرایط نرمال، ژنوتیپ‌های P13L3، Line1، Line4 و Line17 برترین ژنوتیپ‌ها بودند. تحت شرایط نرمال، ژنوتیپ P3L2 برای صفات روز تا رسیدگی و ارتفاع بوته، ژنوتیپ Line6 برای صفات قطر بلال با دانه و عملکرد دانه و ژنوتیپ Line19 برای صفات طول بلال، ارتفاع بوته، عملکرد دانه و قطر ساقه، ارزش‌های اصلاحی مثبت و بالا داشتند و در مقابل تحت شرایط تنش شوری، ژنوتیپ Line2 برای صفات وزن صد دانه، قطر بلال با دانه و طول بلال و ژنوتیپ Line16 برای صفات روز تا رسیدگی، وزن برگ و ارتفاع بوته، دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالا بودند. از آنجایی که این ژنوتیپ‌ها بهتر می‌توانند ویژگی‌های خود را به نتاج منتقل کنند، بنابراین به‌عنوان والدین مناسب برای اصلاح این صفات در برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر تلاقی پیشنهاد می‌شوند.

واژه‌های کلیدی: اثر افزایشی، بهترین پیش‌بینی نارایب خطی، عملکرد و اجزای عملکرد، مدل خطی مخلوط

۱- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

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

۳- استادیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

۴- استاد، گروه بیولوژی عمومی، دانشگاه فدرال ویسوز، برزیل

۵- دانش‌آموخته دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

* نویسنده مسئول: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir

مقدمه

ذرت (*Zea mays* L.) به‌عنوان یکی از محصولات راهبردی، از نظر عملکرد و میزان تولید در دنیا، در رتبه اول و از نظر سطح زیر کشت، در رتبه سوم بعد از گندم و برنج قرار می‌گیرد (Sajedi and Ardekani, 2008). توسعه کشت ذرت و بهبود عملکرد و کیفیت آن از نظر تأمین غذای دام و طیور و نیز انسان به‌جهت میزان لیزین بالا از اهمیت زیادی برخوردار است (Fageria et al., 2010). در شرایط طبیعی گیاهان با تنش‌های مختلفی مواجه می‌شوند که این تنش‌ها می‌توانند بر رشد، متابولیسم و عملکرد گیاهان تأثیر منفی بگذارند. در این میان، شوری آب و خاک از تهدیدات عمده بر تولید پایدار محصولات کشاورزی در جهان و ایران است که بر جذب و غلظت پتاسیم، کلسیم، منیزیم و سدیم در گیاهان و در نتیجه رشد گیاهان اثر می‌گذارد. با افزایش سطح شوری در گیاهان، در نتیجه کاهش هدایت روزنه‌ای، کاهش فرآیندهای متابولیکی در جذب کربن، جلوگیری از ظرفیت فتوشیمیایی یا ترکیبی از این عوامل، سرعت فتوسنتز کاهش می‌یابد (Ashraf, 2001). شوری از طریق دو فرآیند تنش اسمزی و سمیت یونی رشد گیاهان را تحت تأثیر قرار می‌دهد. ابتدا، تنش اسمزی باعث کاهش جذب آب از طریق ریشه می‌شود و در نتیجه رشد گیاه کاهش می‌یابد. سپس، نمک در غلظت بالا در برگ‌های پیر تجمع می‌یابد و مسمومیت یونی ایجاد می‌کند و باعث مرگ آن‌ها می‌شود (Munns and Tester, 2008). گیاهان متحمل هنگامی که با تنش مواجه می‌شوند، گیرنده‌های موجود در غشای پلاسمایی، سیگنال‌هایی را به سلول انتقال می‌دهند که در نتیجه این سیگنال‌دهی، فاکتورهای رونویسی که در اثر تنش فعال شده‌اند، سبب رونویسی ژن‌های درگیر در تحمل به تنش می‌شوند و در نتیجه سطح پروتئین تغییر می‌یابد. در نهایت پروتئین‌های ساختاری یا آنزیمی فعالی که تازه سنتز شده‌اند، به‌طور مستقیم یا غیر مستقیم باعث حفظ تعادل اسمزی، یونی و ردوکس می‌شوند (Atkinson and Urwin, 2012; Behera and Hembram, 2021). گیاه ذرت در برابر شوری نسبتاً حساس است و آستانه شوری عصاره اشباع خاک برای کاهش عملکرد نسبی آن ۱/۷ دسی‌زیمنس بر متر گزارش شده است (Mass et al., 1983). در حقیقت با افزایش هر واحد شوری عصاره اشباع خاک نسبت به سطح شوری آستانه، عملکرد نسبی این گیاه ۱۲ درصد کاهش می‌یابد.

به‌نژادی کلاسیک از دهه‌های قبل توسط به‌نژادگران در ارزیابی‌های ژنتیکی گیاهان استفاده شده است. در این روش‌ها، داده‌های کمی (فنوتیپی) به‌همراه روش‌های آماری و محاسباتی پیچیده برای تجزیه صفات و بهبود ژنتیکی ترکیبی از صفات مهم اقتصادی در گیاهان استفاده شده‌اند. محدودیت‌های روش سنتی اصلاح گیاهان، به‌نژادگران را به تحقیق در پیدا کردن ابزارها و منابع اطلاعاتی جدید و قوی کردن روش‌های ارزیابی سنتی سوق داده است تا بتوانند با استفاده از این ابزارها و منابع اطلاعاتی محدودیت‌های روش‌های سنتی را برطرف کنند. در برنامه‌های اصلاحی ارزش‌های فنوتیپی می‌توانند به‌وسیله ارزش‌های اصلاحی برآورد شده جایگزین شوند. استفاده از ارزش‌های اصلاحی (ژنتیکی) باعث افزایش اثربخشی گزینش‌ها می‌شوند (Ramos et al., 2014; Quintal et al., 2017). پیشرفت ژنتیکی حاصل از گزینش با این روش برای برخی صفات گزارش شده است (Piepho et al., 2008). ارزش اصلاحی (BV; Breeding value)، که به صورت مجموع اثر متوسط تمام آلل‌های یک لاین برای یک صفت تعریف می‌شود، ارزش یک فرد است که از طریق میانگین ارزش فنوتیپی نتاج حاصل از تلاقی تصادفی آن فرد با جمعیت اندازه‌گیری می‌شود (Falconer and Mackay, 1996). در عمل، اصلاح‌گران از قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA; General combining ability) برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی والدینی استفاده می‌کنند. در گونه‌های دیپلوئید و در غیاب اپیستازی، ارزش GCA فرد نیمی از ارزش اصلاحی آن است، زیرا یک والد دقیقاً نیمی از آلل‌های خود را به هر فرد از نتاج منتقل می‌کند (Isik et al., 2017). اخیراً برآورد ارزش‌های اصلاحی از طریق بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP; Best liner unbiased prediction) که شامل اطلاعات خویشاوندان در یک ماتریس روابط ژنتیکی (A) در معادلات مدل مخلوط است، پیشنهاد شده است. ماتریس A با استفاده از ضریب همخوانی محاسبه می‌شود. برآورد ارزش‌های اصلاحی توسط BLUP بر اساس شجره لاین‌ها با استفاده از نرم‌افزار Wombat انجام می‌شود (Meyer, 2007). با این حال، در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی می‌توان به‌جای ماتریس ارتباط ژنتیکی A از ماتریس شباهت‌های ژنتیکی (Kinship matrix) استفاده کرد (Bauer et al., 2006). توسعه نشانگرهای مولکولی، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی در گیاهان و حیوانات را تسهیل کرده است

شد. با توجه به نتایج تحقیقات قبلی، مبنی بر اینکه شوری هشت دسی‌زیمنس بر متر خاک باعث کاهش معنی‌دار عملکرد و اجزای عملکرد ذرت می‌شود (Emdad and Fardad, 2000; Najafi and Sarhangzadeh, 2012)، از این سطح برای اعمال تنش شوری استفاده شد. با شروع مرحله تاسل‌دهی، یادداشت‌برداری از صفات مختلف زراعی-زیستی شامل وزن صد دانه، روز تا رسیدگی، قطر بلال با دانه، طول بلال، طول برگ، تعداد کل برگ، وزن برگ، ارتفاع بوته، قطر ساقه و عملکرد دانه انجام شد.

ارزیابی ژنوتیپی لاین‌های ذرت

استخراج DNA ژنومی از برگ‌های جوان یک‌ماهه با استفاده از روش سقای معروف و همکاران (Saghai-Marooft et al., 1984) انجام شد. تعیین کمیت و کیفیت DNA استخراج شده به ترتیب با روش نانودراپ و الکتروفورز ژل آگارز یک درصد انجام شد. پس از اطمینان از کیفیت و کمیت نمونه‌های DNA، این نمونه‌ها برای توالی‌یابی به شرکت TraitGenetics آلمان ارسال شدند (<http://www.traitgenetics.com/>). کتابخانه ژنومی نمونه‌ها توسط شرکت تهیه و توالی‌یابی با استفاده از پلتفرم Affymetrix® Maize 600K genotyping array (Unterseer et al., 2014) انجام شد.

تجزیه‌های آماری

پیش‌گویی ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های ذرت برای هر یک از صفات مورد مطالعه تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری به‌روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام شد (Bernardo, 2007). برای این منظور، ابتدا ارزش فنوتیپی صفات مورد بررسی برای تمامی ژنوتیپ‌ها در دو شرایط اندازه‌گیری شد. در حالت کلی ساختار مدل خطی مخلوط به شرح زیر است:

$$Y = Xb + Zu + e \quad (1)$$

که در آن، Y بردار مشاهدات، u و b به ترتیب بردارهای آثار ثابت و تصادفی، X و Z به ترتیب ماتریس‌های تلاقی (Incidence matrices) و بردار باقی‌مانده تصادفی است. آثار ثابت توسط بهترین بردار ناریب خطی (BLUE) و آثار تصادفی از طریق بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) برآورد شدند. بردارهای u و e (آثار تصادفی) دارای توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix} \quad (2)$$

(Piepho, 2009; Jannink et al., 2010). بنابراین مطالعه ژنوتیپ‌های مختلف و مشخص کردن صفات مطلوب و قابل وراثت آن‌ها، گاهی اوقات می‌تواند منجر به معرفی لاین‌های جدید پس از گذراندن آزمون‌های لازم تحت شرایط محیطی متفاوت شود. اخیراً نشانگرهای SNP به‌طور گسترده در برنامه‌های به‌نژادی گیاهان برای شناسایی تنوع ژنتیکی، ساخت نقشه‌های ژنتیکی با وضوح بالا، نقشه‌یابی ارتباطی کل ژنوم، انتخاب ژنومی و مطالعه تاریخچه تکاملی جمعیت‌ها استفاده می‌شوند (Zhao et al., 2015). با وجود مطالعاتی که در مورد بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت‌ها با استفاده از نشانگرهای مولکولی صورت گرفته است، تا کنون در باره برآورد ارزش اصلاحی صفات زراعی-زیستی ذرت بر اساس نشانگر مولکولی SNP به‌ویژه در ژنوتیپ‌های توسعه یافته در ایران، گزارشی ارائه نشده است. در این تحقیق، صفات مختلف زراعی و زیستی در تعدادی از لاین‌های ذرت تحت شرایط نرمال و تنش شوری اندازه‌گیری و سپس، پروفیل مولکولی لاین‌ها با استفاده از نشانگرهای SNP تهیه شد. هدف از اجرای تحقیق، برآورد ارزش اصلاحی لاین‌ها با استفاده از داده‌های فنوتیپی و مولکولی تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

تعداد ۷۳ لاین خالص ذرت (جدول ۱) تهیه شده از مراکز تحقیقاتی مختلف (دانشگاه رازی- کرمانشاه، مرکز تحقیقات جهاد کشاورزی مشهد، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج)، در سال ۹۸-۱۳۹۷ در شرایط گلدانی در محوطه باز در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار تحت دو شرایط نرمال و تنش شوری هشت دسی‌زیمنس بر متر مورد مطالعه و ارزیابی قرار گرفتند. ابعاد گلدان‌های مورد استفاده ۲۴×۲۴ سانتی‌متر بود و هر گلدان به‌منزله یک تکرار در نظر گرفته شد. در هر گلدان از هر لاین در ابتدا دو عدد بذر کشت و سپس در مرحله ۴ برگی با تنک کردن، یک بوته در هر گلدان نگهداری شد. آبیاری گلدان‌ها با سامانه آبیاری قطره‌ای انجام گرفت. کود کامل NPK (به صورت ۲۰-۲۰-۲۰) از مرحله چهار برگی با غلظت نیم گرم در لیتر هر هفته یک‌بار تا مرحله تاسل‌دهی و از این مرحله به بعد با غلظت دو گرم در لیتر هر سه روز یک‌بار به گلدان‌ها اضافه شد. اعمال تنش شوری در مرحله هشت برگی انجام

معادلات هندرسون در بحث برآورد ارزش‌های اصلاحی به صورت زیر تبدیل می‌شوند (Bernardo, 2007):

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + \theta^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (۴)$$

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

و فرض می‌شود که: $\text{Var}(u) = \sigma_u^2 I_t \approx AV_A$ و $\text{Var}(e) = \sigma_e^2 I_n \approx r_n \sigma_e^2$ است. A ماتریس ضرایب خویشاوندی است که درجه کوواریانس ژنتیکی بین افراد را نشان می‌دهد (یک ماتریس t×t که t تعداد ژنوتیپ است)، r یک ماتریس واحد (Identity matrix) است (اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها یکسان باشد)، اما اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها متفاوت باشد، r یک ماتریس n×n (تعداد مشاهدات) با عناصر خارج قطری صفر و عناصر روی قطر برابر با عکس تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها (مثلاً عکس تعداد تکرار ژنوتیپ یک در مجموعه (سال × مکان) اول،) خواهد بود. V_e و V_A به ترتیب واریانس ژنتیکی و واریانس باقیمانده‌ها هستند. سپس با استفاده از داده‌های مولکولی ماتریس خویشاوندی یا Kinship بین ژنوتیپ‌ها در نرم‌افزار TASSEL محاسبه و از دو برابر ماتریس Kinship به جای ماتریس روابط خویشاوندی A در مدل مخلوط استفاده شد.

هستند. در این رابطه، G و R به ترتیب واریانس u و e و برابر با $R = \text{Var}(e) = \sigma_e^2 I_n$ و $G = \text{Var}(u) = \sigma_u^2 I_t$ اندیس t و n در ماتریس‌های واحد (I) به ترتیب تعداد سطوح اثر تصادفی (تیمار یا ژنوتیپ) و تعداد مشاهدات و σ_u^2 و σ_e^2 به ترتیب واریانس اثر تصادفی و واریانس باقیمانده‌ها هستند. در عمل BLUE و BLUP با BLUE و BLUP تجربی (Empirical BLUP and BLUE) جایگزین می‌شوند، به این معنی که اجزای واریانس در G و R با برآوردهای آن‌ها ترجیحاً با روش حداکثر درست‌نمایی محدودشده (REML; Restricted maximum likelihood) جایگزین می‌شوند (Patterson and Thompson, 1971). BLUE و BLUP از طریق حل معادلات مدل مخلوط محاسبه می‌شوند که توسط هندرسون (Henderson, 1990) ارائه شده است:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix} \quad (۳)$$

در این رابطه:

$$G = \sigma_u^2 I_t, \quad R = \sigma_e^2 I_n$$

با ضرب طرفین معادلات هندرسون در σ_e^2 (Foulley, 2015) و در نظر گرفتن تعداد متفاوت تکرار ژنوتیپ‌ها،

جدول ۱- لاین‌های ذرت مورد استفاده در این آزمایش

Table 1. Maize lines used in this experiment

No.	Code	Name	Origin
1	Ma001	P3L2	Kermanshah
2	Ma002	P11L2	Kermanshah
3	Ma003	P15L16Kahriz	Kermanshah
4	Ma004	P9L3Kahriz	Kermanshah
5	Ma005	P13L2	Kermanshah
6	Ma006	P19L7Kahriz	Kermanshah
7	Ma007	P6L1	Kermanshah
8	Ma008	P19L3Kahriz	Kermanshah
9	Ma009	P14L1Kahriz	Kermanshah
10	Ma010	P11L7	Kermanshah
11	Ma011	P14L2	Kermanshah
12	Ma012	P10L5	Kermanshah
13	Ma013	P1L4Kahrizi (Dialell- Karaj)	Kermanshah
14	Ma014	P11L6	Kermanshah
15	Ma015	P13L3	Kermanshah
16	Ma017	P3L4Kahriz	Kermanshah
17	Ma018	p1L5kahriz	Kermanshah
18	Ma019	P19L5Kahriz	Kermanshah
19	Ma020	P15L14	Kermanshah
20	Ma021	P16L6Kahriz	Kermanshah

Table 1. Continued			جدول ۱- ادامه
21	Ma022	P15L4	Kermanshah
22	Ma023	P11L9	Kermanshah
23	Ma025	P13L1	Kermanshah
24	Ma027	P16L12Kahriz	Kermanshah
25	Ma028	P10L9	Kermanshah
26	Ma030	Mo17	Kermanshah
27	Ma031	OH43/1-42	Kermanshah
28	Ma034	K615/1	Kermanshah
29	Ma036	OH43/1-42 (Paternal)	Karaj
30	Ma037	R59 (Paternal)	Karaj
31	Ma038	W37A	Karaj
32	Ma039	R319	Karaj
33	Ma040	R59	Karaj
34	Ma042	W153R	Karaj
35	Ma044	R59×R319 (Maternal line of DC370) (SC)	Karaj
36	Ma045	B73 (RFCORCMS)	Karaj
37	Ma048	ZK472221	Karaj
38	Ma049	K1263/1/1388	Mashhad
39	Ma050	4*/89	Mashhad
40	Ma051	9/K19/1	Mashhad
41	Ma053	25*/89	Mashhad
42	Ma060	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	Mashhad
43	Ma065	66*/1388	Mashhad
44	Ma072	K166B/89& (14*K166B/1390)	Mashhad
45	Ma073	K18-B/1392	Mashhad
46	Ma074	7/K19/1	Mashhad
47	Ma075	23*/89	Mashhad
48	Ma076	70*/1388	Mashhad
49	Ma079	138*/89	Mashhad
50	Ma080	K19*/1392 (Isolated)	Mashhad
51	Ma085	1390/Popcorn-53 or 54 (Line)	Mashhad
52	Ma089	172*/89	Mashhad
53	Ma091	8/K19/1	Mashhad
54	Ma096	67*/88	Mashhad
55	Ma100	36-N/88-K3653/2	Mashhad
56	Ma104	Line 1	-
57	Ma105	Line 2	-
58	Ma106	Line 3	-
59	Ma107	Line 4	-
60	Ma109	Line 6	-
61	Ma110	Line 7	-
62	Ma111	Line 8	-
63	Ma112	Line 9	-
64	Ma113	Line 10	-
65	Ma114	Line 11	-
66	Ma115	Line 12	-
67	Ma116	Line 13	-
68	Ma117	Line 14	-
69	Ma119	Line 16	-
70	Ma120	Line 17	-
71	Ma121	Line 18	-
72	Ma122	Line 19	-
73	Ma123	Line 20	-

نتایج و بحث

استخراج DNA

نتایج ارزیابی کیفیت DNA استخراج شده روی ژل آگارز یک درصد، نشان دهنده کیفیت بالای DNA استخراج شده، به منظور ارسال برای انجام توالی‌یابی و ساخت کتابخانه ژنومی بود. در بررسی DNA استخراجی با استفاده از دستگاه نانودراپ نیز از نسبت جذب نور در طول موج‌های ۲۶۰ به ۲۸۰ نانومتر جهت تعیین کیفیت DNA استفاده شد و نمونه‌هایی که نسبت A260 / A280 آن‌ها در محدوده ۱/۷-۲ بود، انتخاب و برای توالی‌یابی ارسال شدند.

ژنوتیپ‌سنجی با استفاده از آرایه ژنوتیپ‌سنجی Affymetrix® Maize 600K

تعداد ۹۳ لاین با تنوع فنوتیپی بالا جهت ژنوتیپ‌سنجی بر اساس آرایه Affymetrix® Maize 600K به منظور توالی‌یابی ارسال شد که در این مطالعه از اطلاعات ۷۳ لاین استفاده شده است. به طور خلاصه، تعداد واریانت استفاده شده توسط شرکت در چیپ ژنوتیپ‌سنجی (Affymetrix® Maize 600K) بدین صورت به دست آمده است (Unterseer *et al.*, 2014). ابتدا تعداد ۵۷ میلیون واریانت از توالی‌یابی ۳۰ لاین ذرت به دست آمده و با فیلتر شدید بر اساس نمره کیفیت و کارایی پیش‌بینی شده برای استفاده در آرایه، در نهایت ۱/۲ میلیون واریانت چند شکل شناسایی شده است. به منظور تعیین اعتبار واریانت‌ها، این واریانت‌ها در تعداد ۲۸۵ نمونه بسیار متنوع ذرت مورد بررسی قرار گرفتند و در نهایت تعداد ۱۶۲۰۱

واریانت شامل ۶۰۹۴۴۲ SNP و ۶۷۵۹ indel بر اساس کارایی آن‌ها در اعتبارسنجی، پراکندگی در ژنوتیپ‌ها و پراکنش در نقشه فیزیکی انتخاب شده و به صورت تجاری تحت عنوان آرایه ژنوتیپ‌سنجی 600K ذرت در دسترس می‌باشد. تراکم نشانگری در آرایه ژنوتیپ‌سنجی حاصل حدود یک واریانت در هر ۳/۴ kb و متوسط فاصله ژنتیکی بین واریانت‌ها حدود ۰/۰۰۲۵ cM یا به عبارت دیگر به طور متوسط ۴۰۶ واریانت در هر سانتی‌مورگان است. از کل واریانت وجود در آرایه، تعداد ۱۱۶۲۲۴ واریانت در مناطق کد کننده ژنتیکی قرار دارند که می‌توانند در مطالعات ارتباط نشانگر-صفت بسیار ارزشمند باشند.

پس از توالی‌یابی نمونه‌ها بر اساس آرایه Affymetrix® Maize 600K توسط شرکت TraitGenetics (<http://www.traitgenetics.com/>) و حذف SNP‌های دارای فراوانی آلل جزئی کم‌تر از ۱۰ درصد، تعداد ۴۵۰۱۳۳ نشانگر SNP باقی ماند که از این تعداد ۴۴۹۹۲۹ نشانگر SNP روی ۱۰ کروموزوم ذرت تعیین موقعیت شدند. کروموزوم‌های ۱ و ۱۰ به ترتیب با ۷۲۲۲۶ و ۳۰۵۹۶ نشانگر SNP بیش‌ترین و کم‌ترین تعداد SNP را داشتند. به طور کلی، بیش‌تر جایگزینی‌های نوکلئوتیدی مشاهده شده با ۳۰۲۴۱۱ SNP (۶۷/۲۱ درصد) به صورت جایگزینی‌های همجنس (Ts) بود، در حالی که جایگزینی‌های غیرهمجنس (Tv) با ۱۴۷۵۱۸ SNP حدود ۳۲/۷۹ درصد از جایگزینی‌های نوکلئوتیدی را شامل شدند (جدول ۲).

جدول ۲- خلاصه اطلاعات جهش‌های تک‌نوکلئوتیدی شناسایی شده در کروموزوم‌های مختلف لاین‌های اینبرد ذرت

Table 2. A summary of single nucleotide substitutions identified in different chromosomes of maize inbred lines

Chromosome	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	Total
SNPs	72226	54110	53906	50408	49153	34873	35489	35009	34159	30596	449929
A↔G	24212	17901	17876	16987	16329	11511	11955	11760	11356	10408	150295
T↔C	24225	18130	18358	17080	16612	11928	12000	11896	11597	10290	152116
Transition	48437	36031	36234	34067	32941	23439	23955	23656	22953	20698	302411
Ts %	67.06	66.59	67.22	67.58	67.02	67.21	67.50	67.57	67.19	67.65	67.21
A↔T	4265	3184	3072	2868	2892	2011	2059	1998	2026	1688	26063
A↔C	6845	5141	5195	4755	4692	3277	3262	3253	3235	2919	42574
T↔G	6979	5214	5067	4796	4590	3296	3340	3311	3165	2882	42640
C↔G	5700	4540	4338	3922	4038	2850	2873	2791	2780	2409	36241
Transversion	23789	18079	17672	16341	16212	11434	11534	11353	11206	9898	147518
Tv %	32.94	33.41	32.78	32.42	32.98	32.79	32.50	32.43	32.81	32.35	32.79
Ts/Tv ratio	2.04	1.99	2.05	2.08	2.03	2.05	2.08	2.08	2.05	2.09	2.05

فراوانی بالای جایگزینی همجنس در بسیاری از گونه‌ها مشاهده شده است که به نظر می‌رسد ناشی از تمایل جهش متیل سیتوزین به یوراسیل باشد که در نتیجه تصحیح به تیمین تبدیل می‌شود (Coulondre *et al.*, 1978). گایکپا و همکاران (Gaikpa *et al.*, 2020) و روانجایچون و همکاران (Ruanjaichon *et al.*, 2021) نیز در ارزیابی ژنوتیپی نمونه‌های ذرت از آرایه Affymetrix® Maize 600K استفاده و پس از حذف SNP‌های دارای فراوانی آلل جزئی کم‌تر از ۵ درصد، به ترتیب تعداد ۴۲۶۸۵۸ و ۳۸۸۹۹۹ نشانگر SNP با کیفیت مطلوب شناسایی کردند. نسبت فراوانی SNP‌های شناسایی شده در کروموزوم‌های مختلف و جایگزینی‌های همجنس و غیرهمجنس آن‌ها با تحقیق حاضر مطابقت داشت.

ارزش اصلاحی صفات

بیش‌ترین و کم‌ترین ارزش اصلاحی برای صفت وزن هزار دانه تحت شرایط نرمال به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line1 (۱۱/۶۵) و 172*89 (۸/۹۵-) (جدول ۳) و تحت شرایط تنش شوری به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line8 (۳/۱۸) و P3L4Kahriz (۲/۷۳-) (جدول ۴) مشاهده شد. تغییر نوع ژنوتیپ در مقایسه دو شرایط نرمال و تنش شوری، واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به شرایط را نشان می‌دهد. بلنکو و همکاران (Blanco *et al.*, 2008) با اعمال تنش شوری بر ذرت مشاهده کردند که وزن هزار دانه کاهش یافت. کاهش وزن هزار دانه ممکن است در نتیجه کاهش میزان مواد فتوسنتزی وارد شده به بلال به دلیل اختصاص بخشی از مواد فتوسنتزی تولید شده برای تنظیم اسمزی مورد نیاز گیاه و یا کاهش طول دوره پر شدن دانه‌ها باشد (Molazem, 2018). برای صفت روز تارسیدگی، بیش‌ترین و کم‌ترین مقدار ارزش اصلاحی تحت شرایط نرمال به ترتیب در ژنوتیپ‌های P3L2 (۳/۲۵) و P11L6 (۶/۸-) (جدول ۳) و تحت شرایط تنش شوری به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line16 (۱۰/۴۸) و S2/QPM/SUKMA (۱۲/۳۳-) (جدول ۴) مشاهده شد.

در مورد صفت قطر بلال با دانه بیش‌ترین و کم‌ترین ارزش اصلاحی تحت شرایط نرمال به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های Line6 (۶/۸) و P15 L16 Kahriz (۷/۲۲-) (جدول ۳) و در شرایط تنش به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های Line2 (۵/۳۴) و P3 L2 (۵/۸۹-) بود (جدول ۴). در مورد این صفت تحت شرایط تنش شوری، ارزش اصلاحی هیچ‌یک

از ژنوتیپ‌ها معنی‌دار نبود و تحت شرایط نرمال نیز فقط ژنوتیپ P15 L16 Kahriz اختلاف معنی‌داری با سایر ژنوتیپ‌ها نشان داد. احتمالاً این موضوع نشان‌دهنده آن است که این صفت تحت کنترل اثرات غیرافزایشی ژن‌ها (غالبیت و اپیستازی) قرار دارد. بنابراین جهت دستیابی به اهداف اصلاحی مورد نظر برای این صفت، دورگ‌گیری مؤثرتر از گزینش خواهد بود. در رابطه با صفت طول بلال بالاترین و پایین‌ترین مقدار ارزش اصلاحی تحت شرایط نرمال به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line19 (۳/۸۳) و R59×R319 (۳/۳۳-) (جدول ۳) و در شرایط تنش در ژنوتیپ‌های Line2 (۱/۷) و P14L1 Kahriz (۲/۵۹-) مشاهده شد (جدول ۴). 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، به طوری که در مطالعه ایشان، تعداد ۴۰ QTL برای طول بلال در ده جمعیت RIL شناسایی شد که در حدود ۷۰ درصد این QTL‌ها کوچک‌اثر بودند. در جمعیت‌های RIL به علت خودگشایی‌های مکرر، افراد جمعیت در بیش‌تر مکان‌های ژنی به خلوص می‌رسند و در حقیقت در این جمعیت‌ها دو نوع آلل در مکان‌های ژنی مختلف یکسان می‌شوند. بنابراین با این جمعیت‌ها عمدتاً QTL‌های با آثار افزایشی شناسایی می‌شوند. بنابراین مطالعه بالا هم‌راستا با مطالعه حاضر نقش آثار افزایشی را در کنترل صفات نشان می‌دهد. البته بر خلاف مطالعه ذکر شده، مطالعات در جمعیت‌های F_{2:3} و بک کراس ذرت نشان داد که صفات طول بلال و تعداد دانه در هر ردیف به وسیله مکان‌هایی کنترل می‌شوند که اثرات افزایشی ندارند (Tan *et al.*, 2011; Zhou *et al.*, 2015). در توجیه نتایج متفاوت، قبلاً پال و پرودهام (Pal and Prodhon, 1994) گزارش کرده‌اند که در صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در ردیف و طول بلال، اثرات غیرافزایشی ژن‌ها دارای اهمیت بیش‌تری هستند. در حقیقت آن‌ها به نقش هر دو اثر افزایشی و غیر افزایشی در کنترل این صفات اشاره کرده‌اند، اما با تجزیه‌های تکمیلی به این نتیجه رسیدند که اهمیت آثار غیرافزایشی ژن‌ها بیش‌تر است.

در رابطه با صفت طول برگ پرچم بالاترین و پایین‌ترین مقدار ارزش اصلاحی تحت شرایط نرمال به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line1 (۱۱/۵۹) و P11L7 (۸/۹۷-) (جدول ۳) و در شرایط تنش به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line1

Hartwig et al., 2003) *Nana plant1* (Multani et al., 2003) و *Dwarf9* و *Dwarf8* (Lawit et al., 2010) و *Ga3ox2* (Teng et al., 2013) می‌باشند. در بررسی ارزش‌های اصلاحی ژنوتیپ‌ها برای صفت قطر ساقه تحت شرایط نرمال بالاترین و پایین‌ترین مقدار ارزش اصلاحی مربوط به ژنوتیپ‌های 25*/89 (۴/۶۴) و P19 L7 Kahriz (۷/۰۹-) (جدول ۳) و در شرایط تنش به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های P11L6 (۱۷۲/۷۷) و Line3 (۴۴/۴۲-) (جدول ۴) می‌باشد. مظاهری و همکاران (Mazaheri et al., 2019) با استفاده از تجزیه ارتباطی صفات آناتومی ساقه در ذرت، هشت ژن کاندیدا مرتبط با قطر ساقه را گزارش کردند. رویت ژنوتیپ یکسان (ژنوتیپ P19 L7Kahriz) ضمن ارایه نتایج ارزش اصلاحی برای دو صفت ارتفاع بوته و قطر ساقه به نوعی احتمالاً حاکی از ارتباط ژنتیکی بین دو صفت باشد. بررسی‌ها نشان داده است که مکان *Zmm22* (مرتبط با ارتفاع گیاه)، با قطر ساقه نیز مرتبط می‌باشد (Peiffer et al., 2014). *Zmm22* همچنین با نام *ZmMADS69* معروف است که ژن مرتبط با زمان گل‌دهی در ذرت است (Hirsch et al., 2014; Liang et al., 2018). گزارش شده است که منطقه ژنومی *Zmm22* دارای اثرات پلیوتروپی با ارتفاع گیاه، قطر ساقه و تعداد گل آذین تاجی می‌باشد (Liang et al., 2018).

برای عملکرد دانه بیش‌ترین و کم‌ترین مقدار ارزش اصلاحی تحت شرایط نرمال به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line19 (۳۷/۷۸) و P15 L16 Kahriz (۲۵/۷۷-) (جدول ۳) و در شرایط تنش به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line7 (۱۸/۶۳) و ZK472221 (۱۲/۵۷-) (جدول ۴) مشاهده شد. ژنوتیپ Line7 با داشتن ارزش اصلاحی معنی‌دار و مثبت برای عملکرد در شرایط تنش می‌تواند در تولید واریته‌های با عملکرد بالا در شرایط تنش استفاده شود. در بررسی واریانس ژنتیکی صفات عملکرد، تعداد بلال، تعداد روز تا ظهور گل تاجی، تعداد پنجه، ارتفاع بوته و ارتفاع بلال از طوقه در یک جمعیت هیبرید ذرت مشاهده شده است که سهم واریانس‌های افزایشی و غالبیت برای عملکرد مشابه است، در صورتی که سهم واریانس افزایشی برای تعداد بلال، تعداد روز تا ظهور گل تاجی، تعداد پنجه، ارتفاع بلال و ارتفاع بوته بیش‌تر می‌باشد (Stuber et al., 1966). تعداد ۱۶۱ مکان کمی برای صفات مربوط به عملکرد ذرت شامل عملکرد دانه در هر گیاه، تعداد سنبله در هر گیاه، تعداد دانه در هر سنبله، طول سنبله، تعداد سنبلچه، طول برگ پرچم،

و (۸/۴۳) و P6 L1 (۹/۲۲-) (جدول ۳) مشاهده شد. لیو و همکاران (Liu et al., 2018) در جمعیت RIL حاصل از تلاقی ND3331 و Zang1817، مکان‌هایی برای طول و عرض برگ پرچم روی کروموزوم‌های 1B، 2B، 3A، 3D، 4B، 5A، 6B، 7B و 7D شناسایی کردند. ما و همکاران (Ma et al., 2020) دو QTL با اثرات پلیوتروپیک برای طول برگ پرچم و نسبت طول برگ پرچم به عرض برگ پرچم روی کروموزوم 5B و سه QTL با اثر پلیوتروپیک برای طول برگ پرچم، عرض برگ پرچم و سطح برگ پرچم روی کروموزوم 2D گزارش کردند. در مورد صفت تعداد کل برگ، بیش‌ترین و کم‌ترین مقدار ارزش اصلاحی تحت شرایط نرمال به ترتیب در ژنوتیپ‌های P15L14 (۲/۳۷) و S2/QPM/SUKMA (۲/۹۹-) (جدول ۳) و تحت شرایط تنش شوری به ترتیب در ژنوتیپ‌های 70*/1388 (۲/۸۸) و S2/QPM/SUKMA (۳/۰۳-) (جدول ۴) مشاهده شد. در صفت وزن برگ در شرایط نرمال بالاترین و پایین‌ترین مقدار ارزش اصلاحی به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line8 (۱/۴۱) و P11L7 (۲/۰۵-) (جدول ۳) و در شرایط تنش به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line9 (۰/۷۲) و P19L7Kahriz (۰/۷۴-) (جدول ۴) مشاهده شد. ژنوتیپ‌های با ارزش اصلاحی مثبت و بالا می‌توانند به عنوان والد در تولید ارقام پرمحصول در شرایط تنش مورد استفاده قرار گیرند.

در ارتباط با صفت ارتفاع بوته، بیش‌ترین و کم‌ترین مقدار ارزش اصلاحی تحت شرایط نرمال به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line19 (۴۳/۴۳) و P19 L7 Kahriz (۷۸/۲۲-) (جدول ۳) و در شرایط تنش به ترتیب در ژنوتیپ‌های Line16 (۲/۴۷) و R319 (۸/۴۶-) (جدول ۴) مشاهده شد. همچون صفات دیگر، تغییر نوع ژنوتیپ در مقایسه دو شرایط نرمال و تنش شوری، واکنش متفاوت ژنوتیپ‌ها به شرایط را نشان می‌دهد. شوری از طریق کاهش فشار تورژانس سبب کاهش رشد و توسعه سلول‌ها، خصوصاً در ساقه و برگ شده و به همین دلیل اولین اثر محسوس شوری بر روی گیاهان به صورت کاهش تعداد برگ و ارتفاع می‌باشد (Mirmohammadi-Meibodi and Gharayazi, 2002). ارزش اصلاحی معنی‌دار تلویحاً حاکی از تأثیر اثرات افزایشی در کنترل صفت است. در این راستا، با استفاده از مکان‌یابی صفات کمی (QTL) و تجزیه ارتباطی تعداد زیادی مکان‌های مرتبط با ارتفاع گیاه در ذرت شناسایی شده است که تعدادی از آنها شامل *Dwarf3* (Winkler and Helentjaris, 1995) و *Brachytic2*

افزایشی) به جای گروه‌بندی بر اساس ارزش فنوتیپی است. بر اساس نظر فهر (Fehr, 1991) ارزش فنوتیپی متشکل از ارزش ژنوتیپی و اثرات محیطی و اثر متقابل این دو است. بر اساس نتایج گروه‌بندی خوشه‌ای تحت شرایط نرمال (شکل ۱A)، لاین‌های مورد بررسی از نظر ارزش اصلاحی صفات زراعی-زیستی در چهار گروه طبقه‌بندی شدند. در گروه اول لاین‌هایی گروه‌بندی شدند که از نظر تمامی صفات مورد بررسی به غیر از صفات تعداد برگ و روز تا رسیدگی مقادیر ارزش اصلاحی بالایی را داشتند و از نظر صفات تعداد برگ و روز تا رسیدگی مقادیر متوسط و تعدادی از نمونه‌ها برای صفت روز تا رسیدگی مقادیر عددی کم‌تری را نشان دادند. به‌جز لاین (P13L3) Ma015، سایر نمونه‌های گروه‌بندی شده در این گروه شامل لاین‌های (Line 1) Ma104، (Line 3) Ma106، (Line 4) Ma109، (Line 6) Ma110، (Line 7) Ma111، (Line 8) Ma122، (Line 14) Ma117، (Line 17) Ma120، (Line 19) و (Line 20) Ma123 بودند. در مقابل در گروه دوم لاین‌هایی گروه‌بندی شدند که تقریباً از نظر صفات مورد بررسی، ارزش اصلاحی کم‌تری داشتند. در گروه سوم نیز بیش‌تر لاین‌هایی گروه‌بندی شدند که از نظر صفات تعداد برگ و روز تا رسیدگی مقادیر ارزش اصلاحی کم‌تر و از نظر سایر صفات مورد بررسی مقادیر نسبتاً بالایی داشتند. برعکس گروه سوم، لاین‌های گروه چهارم از نظر صفات تعداد برگ و روز تا رسیدگی مقادیر ارزش اصلاحی بالا و از نظر سایر صفات مورد بررسی مانند عملکرد دانه و وزن ۱۰۰ دانه ارزش اصلاحی کم‌تری داشتند.

تحت شرایط تنش شوری نیز لاین‌های مورد بررسی در چهار گروه اصلی طبقه‌بندی شدند (شکل ۱B). در گروه اول لاین‌هایی طبقه‌بندی شدند که از نظر بیش‌تر صفات مورد بررسی مقادیر ارزش اصلاحی متوسطی داشتند. در گروه دوم لاین‌ها از نظر بیش‌تر صفات مورد بررسی مقادیر ارزش اصلاحی بالایی نشان دادند و مشابه شرایط نرمال، در شرایط تنش شوری نیز در این گروه لاین‌های بین شماره ۵۶ تا ۷۳ قرار داشتند. لازم به ذکر است که تمامی ۱۸ لاین شماره ۵۶ تا ۷۳ در دو گروه اول و دوم طبقه‌بندی شدند. لاین‌های طبقه‌بندی شده در گروه سوم و چهارم نیز برای بیش‌تر صفات مورد بررسی مقادیر ارزش اصلاحی متوسط تا کم‌تری داشتند.

عرض برگ پرچم، سطح برگ پرچم، ارتفاع گیاه و زمان گل‌دهی روی ۲۱ کروموزوم به جز کروموزوم‌های 2D، 3D و 6D گزارش شده است (Hu et al., 2020).

با در نظر گرفتن مجموع ارزش‌های اصلاحی جمیع صفات مورد مطالعه در شرایط نرمال، ژنوتیپ‌های P13L3، Line1، Line4 و Line17 برترین رتبه را داشتند و به عنوان ژنوتیپ‌هایی که بالاترین ارزش اصلاحی را داشتند، شناخته شدند. ژنوتیپ‌های S2/QPM/SUKMA و P19L7 Kahriz پایین‌ترین رتبه را در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه داشتند. در شرایط تنش با در نظر گرفتن مجموع ارزش‌های اصلاحی جمیع صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های P11L7، P13L3، Line2، Line4، Line6، Line9 و Line10 برترین رتبه را داشتند و ژنوتیپ‌های S2/QPM/SUKMA و 172*/89 پایین‌ترین رتبه را در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه داشتند.

یکی از موارد استفاده از برآورد ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌ها در کنار کمک به درک و فهم از ساختار ژنتیک صفات، محاسبه وراثت‌پذیری خصوصی صفات است. وراثت‌پذیری میزان انطباق بین مقادیر فنوتیپی و مقادیر ژنوتیپی را نشان می‌دهد؛ برآورد وراثت‌پذیری به محققین در انتخاب روش اصلاحی کمک می‌نماید و بدین سان کارایی فعالیت‌های اصلاحی را بالا می‌برد. اگر وراثت‌پذیری صفت بالا باشد (بیش از ۶۰ درصد) در آن صورت انتخاب فنوتیپی برای تغییر صفت مطلوب خواهد بود، اما اگر وراثت‌پذیری متوسط یا پایین باشد در بهبود صفت باید از روش‌های مبتنی بر آزمون نتاج یا گزینش بر مبنای شاخص یا از گزینش به‌کمک نشانگرهای مولکولی و گزینش ژنومی استفاده کرد. در پژوهش حاضر در شرایط نرمال، صفات روز تا رسیدگی، تعداد کل برگ، وزن برگ، ارتفاع بوته و قطر ساقه (جدول ۳) و در شرایط تنش صفات روز تا رسیدگی، تعداد کل برگ و ارتفاع بوته وراثت‌پذیری بالایی داشتند (جدول ۴). از طرفی تحقیقات نشان داده است که دقت تخمین مقادیر ارزش اصلاحی برای صفات دارای وراثت‌پذیری بالا بیش‌تر از صفات دارای وراثت‌پذیری کم است (Villumsen et al., 2009). بنابراین اعتماد به برآوردهای ارزش اصلاحی در این صفات در مقایسه با سایر صفات مورد مطالعه بیش‌تر است و می‌توان استنباط کرد که این صفات بیش‌تر تحت کنترل اثر افزایشی ژن‌ها هستند.

کاربرد دیگر استفاده از برآوردهای ارزش اصلاحی صفات، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ارزش اصلاحی (اثرات

جدول ۳- برآورد ارزش اصلاحی صفات زراعی- زیستی مورد بررسی در لاین‌های خالص ذرت (*Zea mays* L.) بر اساس نشانگر مولکولی SNP تحت شرایط نرمال

Table 2. Estimation of breeding value for studied agrobiological traits in maize (*Zea mays* L.) inbred lines based on SNP molecular marker under normal conditions

Name	100GW	Rank	DM	Rank	ED	Rank	EL	Rank	LL	Rank	LN	Rank	LW	Rank	PH	Rank	SD	Rank	Yield	Rank	Sum of ranks
P3L2	1.98	60	3.25	73	-0.09	40	-0.85	23	2.92	60	0.80	54	0.005	52	40.53*	70	-0.29	40	-7.53	34	459
P11L2	-3.57	21	-2.77	14	-2.32	24	0.46	47	-2.77	26	-0.34	23	-1.18	6	-55.18**	4	-5.25**	5	-14.87	18	181
P15L16Kahriz	-4.60	16	-0.19	37	-7.22*	1	-1.63	10	1.88	55	0.66	49	-0.36	39	-0.06	44	-2.09	26	-25.77*	1	254
P9L3Kahriz	-2.46	32	2.53	66	-0.05	41	-0.59	29	4.32	67	1.61*	68	0.78	66	-5.34	39	-2.65	21	1.46	54	465
P13L2	3.35	66	0.82	48	1.65	57	-0.43	32	-4.16	19	1.38	64	-0.85	23	9.54	55	0.97	57	0.83	52	455
P19L7Kahriz	-7.80	3	-1.47	28	-5.19	4	-2.23	2	-4.45	16	-2.78**	2	-1.02	15	-78.22**	1	-7.09**	1	-19.31	9	82
P6L1	-1.37	41	2.67	68	-3.77	15	-1.65	9	-4.61	15	-0.15	29	-0.99	19	-55.02**	5	-4.05*	10	-22.30	4	173
P19L3Kahriz	-6.36	7	-2.95	12	-3.97	13	0.12	39	-1.04	39	-0.31	25	-0.86	22	-32.88	14	-0.23	42	-14.65	19	236
P14L1Kahriz	-0.58	49	0.55	42	-0.45	36	-1.91	8	-3.63	21	-1.57*	3	-1.01	17	-59.63**	3	-3.14	16	-12.15	25	175
P11L7	0.32	52	-2.06	23	2.13	61	0.93	57	-8.97*	1	0.25	44	-2.05**	1	37.35	69	-0.05	47	17.22	65	425
P14L2	0.94	46	-2.10	22	1.19	49	0.97	58	-0.57	43	-0.72	12	-0.31	43	21.85	58	0.19	49	11.45	62	437
P10L5	1.44	58	2.77	71	0.32	46	-0.97	19	3.20	62	1.62*	69	0.29	55	22.66	60	3.15	69	2.77	57	545
P11L4Kahrizi (Diallel- Karaj)	-0.98	45	0.61	44	-2.51	21	-0.46	30	3.36	63	0.14	39	0.82	67	17.76	57	2.35	67	-19.11	11	391
P11L6	-2.98	28	-6.80**	1	0.82	48	1.05	60	2.60	58	-0.39	22	0.32	58	-14.98	29	-0.57	39	17.64	66	408
P13L3	0.91	56	0.78	47	3.30	66	1.45	63	4.51	68	0.06	34	1.10	71	42.86*	72	3.85*	70	21.70	69	611
P3L4Kahriz	-5.41	11	0.58	43	-1.21	32	-1.96	6	-0.98	40	-0.44	21	-1.01	17	-33.02	13	-1.03	35	-12.44	24	257
p1L5kahriz	-3.09	26	-3.42	9	1.80	58	-1.41	14	-5.10	12	1.75*	72	-1.18	6	-0.93	41	-5.07**	6	-13.23	23	288
P19L5Kahriz	-5.09	13	-3.58	7	-0.11	39	-1.93	7	0.01	48	-1.45	4	-0.35	40	-21.33	24	-2.72	20	-6.85	36	241
P15L14	-3.03	27	2.35	60	-2.49	22	-1.63	10	-1.29	38	2.37**	73	-0.48	35	-2.42	40	1.95	64	-20.65	6	341
P16L6Kahriz	-4.17	20	1.53	53	-3.62	16	-2.08	4	1.26	50	-0.25	26	-0.39	38	-10.80	33	-0.10	44	-18.83	12	280
P15L4	-5.68	9	0.65	45	-4.99	5	-1.51	12	-0.07	47	-0.60	13	-0.70	27	-39.36*	9	-5.80**	4	-19.63	8	163
P11L9	-1.50	38	-0.86	31	0.01	42	-0.62	28	-2.96	25	-0.60	13	-0.57	30	-19.52	26	-4.11*	9	-3.26	44	273
P13L1	-2.44	33	-0.27	35	-1.94	26	-1.48	13	-0.57	43	-0.07	30	-0.54	32	-12.99	30	-3.13	17	-5.49	39	290
P16L12Kahriz	-6.77	5	-3.54	8	-4.69	7	1.83	67	-2.48	30	-0.54	18	-1.17	8	-17.00	27	-0.96	36	-11.77	27	250
P10L9	1.15	57	-4.32*	4	1.31	53	0.56	52	2.65	59	-0.76	11	1.03	70	-6.85	38	1.42	60	2.58	56	440
Mo17	-3.35	23	-2.96	11	-1.33	31	-0.45	31	-4.99	13	0.55	48	-1.22	5	-38.75	10	-3.57	14	-11.95	26	220
OH43/1-42	-6.04	8	2.46	62	-4.16	12	1.64	64	-0.15	46	0.78	51	-0.04	51	12.21	56	-1.15	32	-17.40	16	396
K615/1	-2.96	29	1.95	57	2.45	62	-0.86	22	-5.72	10	1.18	63	-0.50	34	-0.32	43	-3.54	15	0.28	50	401

Table 3. Continued		جدول ۳- ادامه																			
OH43/1-42 (Paternal)	-3.25	24	2.29	58	-1.89	27	0.75	56	-2.34	31	0.78	51	-0.48	35	0.12	45	-1.20	31	-10.63	30	402
R59 (Paternal)	1.60	59	-1.58	26	2.06	60	0.73	55	1.87	54	-0.79	9	0.59	64	-23.19	22	-2.42	23	0.71	51	425
W37A	-5.05	14	0.02	39	-1.71	29	-2.13	3	-7.33	2	0.66	49	-1.17	8	-50.35*	7	-5.85**	3	-14.27	20	196
R319	-3.36	22	-3.88*	5	0.07	44	-1.29	15	-4.91	14	-1.39	5	-0.67	28	-21.65	23	-3.79*	13	-6.24	37	223
R59	2.06	61	-2.62	16	-0.60	35	-0.14	37	-1.36	37	-0.58	15	-0.09	49	-19.68	25	-2.77	19	-0.52	48	333
W153R	0.53	53	-0.61	33	0.62	47	-0.75	25	-3.70	20	1.47	65	-1.12	11	-6.97	37	4.16*	72	-1.83	46	400
R59×R319																					
Maternal line of DC370 (SC)	-3.24	25	0.96	49	-3.93	14	-3.33*	1	-6.56	7	0.18	40	0.24	54	-36.47	12	-3.10	18	-17.95	15	217
B73 (RFCORCMS)	-7.10	4	1.37	52	-4.18	11	-0.79	24	-2.61	29	0.13	38	-1.09	12	-52.76**	6	-0.95	37	-16.41	17	297
ZK472221	5.37	69	2.60	67	-2.13	25	-1.01	17	3.17	61	-1.16	6	0.19	53	-43.96*	8	-0.22	43	-18.60	13	310
K1263/1/1388	-5.20	12	-4.56*	2	0.03	43	-0.31	33	-5.20	11	-0.47	20	-0.35	40	-32.03	16	0.80	53	-9.66	32	274
4*/89	-4.23	17	-0.93	30	1.45	55	1.04	59	-3.30	22	0.84	55	-0.78	26	-32.40	15	-1.09	33	-0.52	48	368
9/K19/1	-2.11	36	-2.31	17	-2.34	23	0.44	46	-1.73	34	-0.32	24	-0.18	45	-26.44	18	-0.27	41	-2.12	45	359
25*/89	-2.14	35	-3.83*	6	-2.79	18	0.37	44	-6.17	9	0.50	47	-1.04	14	-25.11	21	4.64*	73	-6.12	38	344
S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	-0.87	47	-3.16	10	-6.64	2	-1.99	5	-3.17	24	-2.99**	1	-0.88	21	-66.99**	2	-6.24**	2	-23.84*	2	74
66*/1388	3.89	68	-0.94	29	0.11	45	0.51	51	1.41	51	0.10	37	-0.47	37	-0.83	42	-1.83	27	-11.77	27	380
K166B/89&(14*K166B/1390)	-5.49	10	-2.29	18	-1.16	33	0.58	53	-6.78	5	0.85	56	-1.78*	3	-11.41	32	-1.44	29	-3.44	43	305
K18-B/1392	-4.21	18	-0.78	32	-4.83	6	0.23	43	-0.71	42	1.60	57	-1.33	4	-9.73	34	-3.82*	12	-17.99	14	269
7/K19/1	-6.37	6	-1.59	25	-2.76	19	-0.22	34	-2.16	33	-1.00	7	-0.84	24	-26.05	19	-4.34*	7	-14.24	21	205
23*/89	0.04	51	-2.12	21	1.34	54	0.50	50	-4.32	18	1.71*	71	-1.15	10	-12.03	31	0.42	51	-3.51	42	423
70*/1388	-1.39	40	2.48	63	1.63	56	-0.22	34	-1.45	36	1.50	66	-0.15	46	28.90	63	-2.63	22	-3.88	41	472
138*/89	-1.11	44	-0.36	34	-4.30	9	-0.66	27	-6.81	4	0.92	59	-1.80**	2	-37.41	11	-4.12*	8	-19.76	7	167
K19*/1392 (Isolated)	-1.27	42	-2.17	20	-1.71	29	-0.16	36	-6.21	8	1.69*	70	-0.89	20	7.91	54	-1.36	30	-4.79	40	345
1390/Popcorn-53 or 54 (Line)	-2.21	34	0.05	40	-1.77	28	0.68	54	2.28	56	-0.57	16	-0.51	33	6.82	50	-2.37	25	-11.01	29	364
172*/89	-8.95*	1	1.31	51	-5.73	3	0.49	49	-2.72	27	0.06	34	-0.84	24	2.07	48	0.89	56	-22.96	3	303
8/K19/1	-2.90	30	0.66	46	-2.66	20	-0.89	21	-3.24	23	0.44	46	-0.56	31	-28.11	17	0.87	55	-8.75	33	369
67*/88	-5.04	15	2.52	65	-4.30	9	-0.68	26	0.07	49	0.92	59	-1.02	15	-8.28	36	0.22	50	-19.25	10	354
36-N/88-K3653/2	-8.10	2	2.45	61	-0.75	34	-1.18	16	-1.63	35	-0.17	28	-0.64	29	31.93	65	-1.05	34	-22.01	5	330
Line 1	11.65**	73	0.07	41	3.40	67	1.17	61	11.59**	73	1.10	62	0.47	60	34.14	66	2.01	65	21.64	68	635
Line 2	7.94	71	-0.15	38	4.59	71	0.12	39	-4.36	17	0.03	32	0.52	62	23.33	62	1.22	59	16.38	64	511

Table 3. Continued

جدول ۳- ادامه

Line 3	-1.25	43	1.68	55	1.97	59	1.39	62	4.03	65	0.20	41	0.30	56	36.63	68	0.83	54	5.32	58	578
Line 4	-0.62	48	1.65	54	2.77	63	1.77	66	7.02	71	0.20	41	0.88	68	35.79	67	2.05	66	13.16	63	619
Line 6	2.66	64	-2.28	19	6.80	73	2.20	69	-0.87	41	0.90	58	0.30	56	1.24	47	-0.07	46	24.69*	70	540
Line 7	-1.45	39	2.32	59	1.22	50	1.67	65	2.39	57	1.05	61	-0.09	49	22.16	59	-0.72	38	1.72	55	557
Line 8	2.54	63	-0.21	36	3.19	65	0.00	38	1.50	52	0.26	45	1.41*	73	29.95	64	1.55	61	21.63	67	558
Line 9	-4.21	18	2.88	72	-4.69	7	-0.99	18	3.69	64	0.05	33	0.57	63	-16.53	28	-0.03	48	-10.23	31	391
Line 10	5.64	70	2.72	70	4.21	70	0.12	39	-0.30	45	-0.57	16	-0.30	44	-9.05	35	-1.68	28	-0.60	47	465
Line 11	-2.07	37	2.48	63	-0.30	37	-0.91	20	-2.32	32	-0.77	10	-0.11	48	5.13	49	-3.88*	11	-13.99	22	316
Line 12	0.89	55	-2.93	13	1.29	52	2.04	68	1.58	53	-0.82	8	0.62	65	6.83	51	-0.08	45	6.19	59	468
Line 13	3.37	67	-1.56	27	3.03	64	0.12	39	-6.98	3	-0.54	18	-1.08	13	6.96	52	2.63	68	27.61*	71	440
Line 14	0.59	54	1.81	56	1.27	51	3.03*	72	4.24	66	-0.25	26	1.13	72	0.66	46	0.78	52	9.15	60	558
Line 16	2.10	62	0.98	50	-0.24	38	0.41	45	-2.67	28	0.88	57	-0.12	47	41.17*	71	1.64	62	-6.92	35	484
Line 17	-0.26	50	-1.86	24	4.06	69	2.62*	71	4.99	70	0.22	43	0.51	61	23.10	61	1.77	63	28.16*	72	605
Line 18	-2.89	31	2.69	69	-2.88	17	0.46	47	-6.62	6	0.78	51	-0.32	42	-25.68	20	-2.41	24	0.87	53	390
Line 19	2.73	65	-4.53*	3	5.98	72	3.83**	73	7.16	72	0.02	31	0.44	59	43.43*	73	3.85*	70	37.78**	73	594
Line 20	8.01	72	-2.69	15	3.72	68	2.27	70	4.57	69	0.08	36	0.97	69	7.65	53	0.98	58	10.92	61	564
Narrow sense heritability (%)	43.71		68.45		22.20		36.41		34.82		65.70		67.13		81.12		75.46		53.58		

100GW, 100-grain weight; DM, days to maturity; ED, ear diameter with grain; EL, ear length; LL, leaf length; LN, leaf number; LW, leaf weight; PH, plant height; SD, stem diameter.
* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

جدول ۴- برآورد ارزش اصلاحی صفات زراعی- زیستی مورد بررسی در لاین‌های خالص ذرت (*Zea mays* L.) بر اساس نشانگر مولکولی SNP تحت شرایط تنش شوریTable 4. Estimation of breeding value for studied agrobiologic traits in maize (*Zea mays* L.) inbred lines based on SNP molecular marker under salt stress conditions

Name	100GW	Rank	DM	Rank	ED	Rank	EL	Rank	LL	Rank	LN	Rank	LW	Rank	PH	Rank	SD	Rank	Yield	Rank	Sum of ranks
P3L2	-1.11	21	3.29	51	-5.89	1	0.32	44	-3.21	15	0.30	37	-0.07	41	2.00	65	-0.34	38	-9.64	5	320
P11L2	-1.09	22	-7.37	9	-1.14	20	-0.48	21	-1.27	27	-1.96*	2	-0.24	28	-2.20	24	-0.62	31	-2.58	27	250
P15L16Kahriz	-2.31	4	0.53	38	-2.33	9	-1.03	9	1.78	56	0.92	57	-0.27	26	0.46	44	1.90	67	-7.41	7	327
P9L3Kahriz	-1.20	20	-4.18	16	0.47	34	-0.61	16	5.18	70	1.87*	70	0.60	72	0.32	41	0.53	51	5.96	57	465
P13L2	-0.74	31	-2.79	21	-1.14	20	-0.73	13	-2.71	19	0.31	39	-0.21	30	-2.46	22	1.21	64	-6.49	13	246
P19L7Kahriz	-1.93	10	5.94	62	-1.30	19	-0.30	26	-8.53*	3	1.21	66	-0.74	1	-2.92	18	-2.10	2	-6.94	11	272
P6L1	-1.71	15	4.23	56	-4.91	2	-0.65	14	-9.22*	1	-0.47	22	-0.25	27	0.54	47	-0.83	26	-12.10	2	238
P19L3Kahriz	-1.90	11	-3.71	18	-0.33	26	1.10	62	-7.51	4	0.32	40	-0.50	10	-4.15*	11	-0.49	36	-5.91	15	271
P14L1Kahriz	-0.55	37	8.78*	68	-3.29	5	-2.59*	1	-5.19	10	-0.93	13	-0.56	7	-1.14	28	-0.99	19	-7.05	10	235
P11L7	0.49	55	2.42	49	1.30	51	0.67	56	2.26	60	0.47	43	0.30	66	1.56	59	-0.08	40	11.61	67	561
P14L2	-1.28	19	9.37*	69	0.63	36	0.36	46	-0.41	36	-0.32	23	-0.15	37	0.73	49	-1.24	12	1.90	42	453
P10L5	-0.81	29	7.98	65	-1.50	14	0.21	41	2.37	61	0.61	49	0.18	60	2.10	67	2.64	71	-4.39	18	471
P1L4Kahrizi (Diallel- Karaj)	-1.37	17	3.84	54	-1.36	18	-0.65	14	-1.02	29	0.10	31	-0.21	30	0.87	50	1.06	59	-5.73	16	312
P11L6	-2.05	8	1.30	44	-1.42	16	0.43	49	-0.87	32	0.17	34	-0.21	30	-2.38	23	1.13	62	3.57	48	368
P13L3	-0.25	45	9.42*	70	0.46	33	0.86	60	1.85	57	1.09	62	0.48	68	1.67	60	-0.58	33	7.31	64	576
P3L4Kahriz	-2.73	1	3.78	53	-2.09	11	-1.53	4	1.66	55	-0.11	26	-0.36	19	-0.09	36	7.62**	72	-7.29	8	300
p1L5kahriz	-1.89	13	-1.83	27	0.41	32	-1.84	2	-4.62	12	1.51	68	-0.28	24	0.57	48	0.31	45	-2.85	26	319
P19L5Kahriz	-2.28	6	-4.43	15	1.03	44	-0.44	22	-0.91	30	-1.04	12	-0.22	29	0.23	39	-1.53	8	0.26	36	304
P15L14	-2.44	3	6.92	63	-3.47	3	-1.13	6	0.01	42	2.54**	72	-0.19	35	1.03	52	0.49	50	-8.89	6	346
P16L6Kahriz	-1.84	14	0.02	35	1.22	49	-1.08	7	2.64	63	-0.52	20	-0.07	41	-0.75	34	2.06	69	-1.24	31	349
P15L4	-2.09	7	-8.15	7	0.74	38	0.43	49	3.77	67	-0.85	14	0.08	55	-5.69**	3	0.75	54	7.01	61	375
P11L9	-0.27	44	-9.13*	6	0.13	28	0.82	59	1.35	53	-1.42	5	0.50	70	-3.16	17	0.43	47	4.67	52	401
P13L1	0.64	58	-6.74	10	-0.43	25	-1.08	7	5.61	71	-1.37	6	0.18	60	-1.79	26	1.54	65	0.29	37	331
P16L12Kahriz	-2.66	2	-6.04	12	-2.71	7	1.62	71	0.84	50	-1.15	8	-0.40	16	-0.94	32	-1.66	6	-3.71	22	277
P10L9	-1.44	16	-9.34*	5	-2.85	6	0.03	35	0.36	47	-1.60	4	0.27	65	-5.44**	5	0.63	53	-6.91	12	243
Mo17	-2.04	9	-0.67	30	1.02	43	0.05	36	-2.32	22	0.88	55	-0.51	9	-3.98*	13	0.15	44	1.30	40	313
OH43/1-42	-1.05	23	5.70	61	0.18	30	-0.13	32	2.69	64	0.48	44	0.12	57	0.35	42	-0.94	21	-2.55	28	399
K615/1	-0.17	46	1.63	46	1.19	48	-0.96	10	-8.83*	2	1.46	67	-0.65	4	2.14	68	-0.59	32	-5.40	17	321

Table 4. Continued	جدول ۴- ادامه																				
OH43/1-42 (Paternal)	-0.77	30	-1.06	28	0.96	40	-0.16	31	0.53	48	0.48	44	0.07	54	0.51	46	-0.85	25	-0.53	34	376
R59 (Paternal)	-0.74	31	-3.70	19	0.60	35	0.60	54	2.44	62	-0.82	15	0.49	69	-0.05	37	-0.42	37	0.25	35	378
W37A	0.48	54	-0.99	29	4.79	71	-0.92	11	-0.39	37	0.49	46	-0.04	47	-3.37	16	-0.55	35	6.89	60	392
R319	0.19	51	-9.38*	4	3.52	68	-0.59	17	-1.25	28	-1.13	9	-0.03	49	-8.46**	1	-0.67	29	3.98	49	311
R59	-0.61	35	-10.15*	2	0.14	29	0.79	58	-1.34	25	-0.80	16	0.05	51	-4.47*	8	-0.004	43	7.16	62	310
W153R	1.69	69	-1.94	26	3.41	67	0.44	51	2.11	59	0.91	56	-0.14	38	0.42	43	-0.56	34	4.56	51	488
R59×R319	0.68	60	-2.34	24	0.04	27	-0.91	12	-2.18	24	1.05	60	0.15	59	-1.14	28	-1.00	18	-3.83	21	323
Maternal line of DC370 (SC)																					
B73(RFCORCMS)	-0.99	25	-2.69	22	-1.47	15	0.00	34	3.99	69	-1.75*	3	-0.06	43	-0.93	33	-1.10	15	-3.85	20	282
ZK472221	0.32	52	-9.89*	3	-3.40	4	-1.71	3	3.11	66	-0.61	19	-0.05	44	0.50	45	-0.92	22	-12.57	1	227
K1263/1/1388	-0.83	28	-4.17	17	2.32	58	0.52	53	-5.62	6	-0.48	21	-0.64	5	-4.24*	10	-2.06	3	0.80	39	269
4*/89	-0.35	41	-5.38	14	3.38	66	1.18	64	0.33	46	0.32	40	-0.32	22	-4.87*	7	1.73	66	7.51	65	380
9/K19/1	-0.54	38	-2.27	25	-1.38	17	0.36	46	-0.70	34	0.09	30	-0.14	38	-3.96*	14	-0.70	28	0.29	37	285
25*/89	-0.30	43	-6.70	11	1.04	45	-0.34	24	-3.57	14	-1.21	7	-0.48	11	-5.31**	6	-1.19	14	2.44	44	220
S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	-0.85	27	-12.33**	1	-1.51	13	-0.39	23	-3.04	17	-3.03**	1	-0.45	13	-5.61**	4	-3.92*	1	-4.39	18	146
66*/1388	1.83	70	2.38	48	1.12	46	0.35	45	0.80	49	0.95	58	-0.56	7	0.20	38	1.94	68	-2.88	25	390
K166B/89&(14*K166B/1390)	0.52	56	1.01	42	1.35	52	0.47	52	1.34	52	0.57	47	0.24	63	-3.65	15	0.82	56	-0.61	33	416
K18-B/1392	-1.35	18	4.28	58	0.19	31	-0.02	33	7.48	72	1.01	59	-0.04	47	-2.54	21	1.15	63	-0.98	32	414
7/K19/1	-2.29	5	1.88	47	1.18	47	1.09	61	-0.01	41	-0.74	18	-0.39	17	-4.33*	9	0.87	57	-1.58	30	298
23*/89	0.89	61	-7.55	8	2.63	62	1.21	65	-2.55	20	1.17	64	-0.33	21	-5.99**	2	2.29	70	7.19	63	401
70*/1388	0.60	57	0.47	37	2.38	59	-0.30	26	-6.43	5	2.88**	73	-0.62	6	1.45	56	-1.02	16	3.08	46	384
138*/89	-1.90	11	1.01	42	-1.76	12	0.24	42	1.55	54	1.16	63	-0.39	17	-4.01*	12	0.57	52	-7.23	9	276
K19*/1392 (Isolated)	-1.05	23	-0.34	34	1.48	53	0.05	36	-0.71	33	1.98*	71	-0.20	34	-2.71	19	0.95	58	4.85	53	399
1390/Popcorn-53 or 54 (Line)	-0.71	34	9.89*	72	-2.46	8	-1.22	5	1.93	58	-1.09	10	-0.44	15	-0.47	35	1.11	61	-11.68	3	229
172*/89	-0.88	26	-5.71	13	0.68	37	-0.52	19	-3.17	16	-0.78	17	-0.67	3	-1.14	28	-1.25	11	-5.96	14	185
8/K19/1	-0.61	35	1.50	45	-2.32	10	-0.24	29	-0.90	31	0.74	53	-0.21	30	-1.08	31	0.48	49	-3.26	24	284
67*/88	-0.09	49	8.47	66	1.27	50	0.40	48	-1.31	26	1.19	65	-0.71	2	-2.65	20	-0.29	39	2.77	45	384
36-N/88-K3653/2	-0.04	50	0.06	36	1.62	54	-0.59	17	-2.84	18	0.04	28	-0.05	44	0.27	40	-0.66	30	6.14	58	362
Line 1	-0.32	42	7.70	64	1.62	54	-0.52	19	8.43*	73	1.05	60	0.05	51	2.15	69	0.76	55	2.36	43	521
Line 2	2.21	72	-0.63	31	5.34	73	1.70	73	-0.66	35	0.68	51	-0.09	40	1.07	53	1.10	60	16.25	72	567

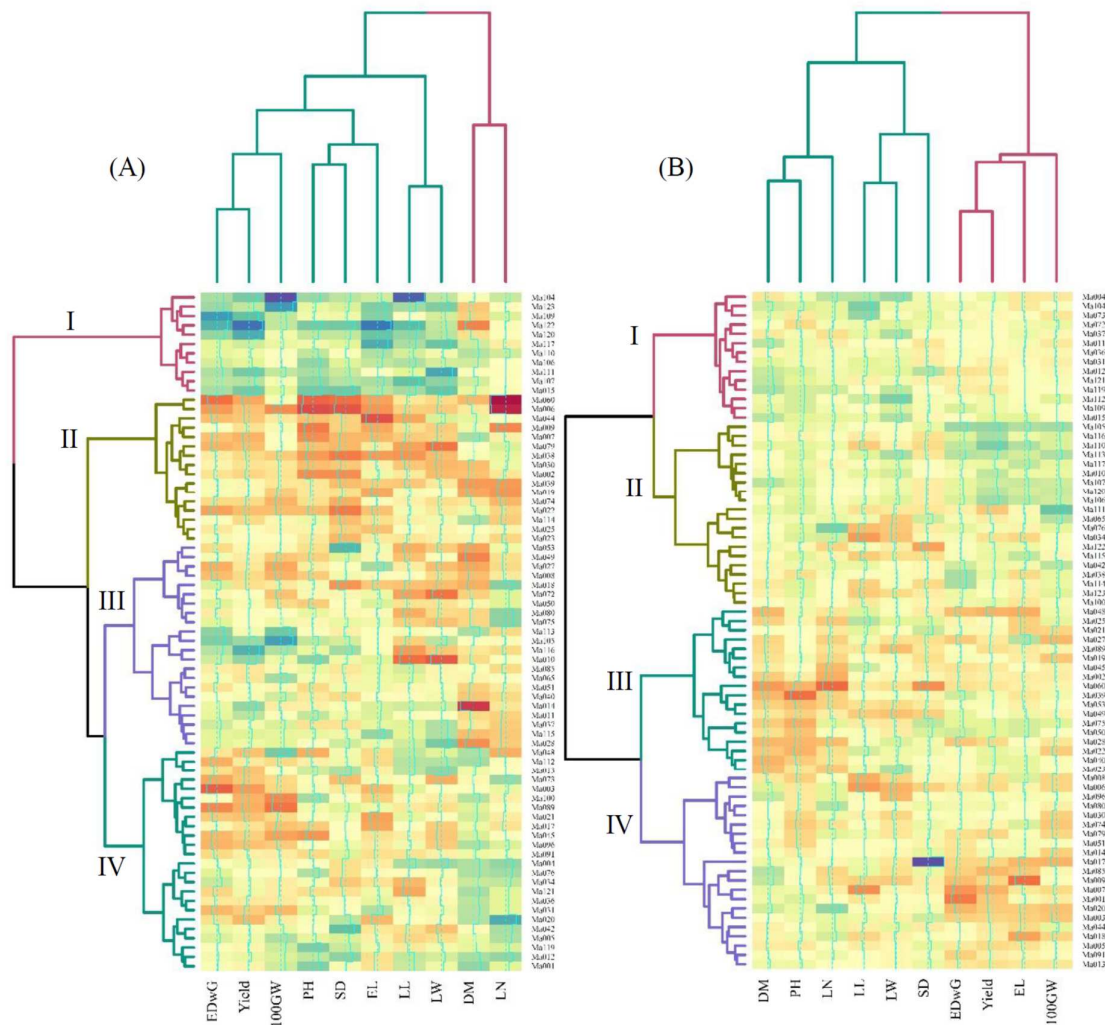
Table 3. Continued

جدول ۳- ادامه

Line 3	1.24	66	0.93	41	3.12	65	1.39	68	1.15	51	0.03	27	0.22	62	1.75	63	-0.97	20	15.10	71	509
Line 4	1.30	67	9.48*	71	2.38	59	1.32	67	0.12	44	0.38	42	0.06	53	2.07	66	-0.92	22	10.52	66	529
Line 6	-0.46	39	5.13	60	2.97	64	0.30	43	-0.33	39	0.61	49	0.26	64	2.28	71	0.43	47	4.88	54	540
Line 7	1.07	65	4.83	59	3.88	69	1.67	72	-5.62	6	0.79	54	-0.28	24	1.19	55	-1.72	5	18.63*	73	488
Line 8	3.18	73	4.25	57	-0.52	24	-0.17	30	-3.59	13	0.59	48	-0.34	20	2.22	70	-1.34	10	-9.75	4	344
Line 9	0.95	63	3.43	52	0.96	40	0.14	39	3.98	68	0.26	35	0.72	73	2.40	72	0.36	46	4.48	50	530
Line 10	1.89	71	0.65	39	4.29	70	1.14	63	3.06	65	0.28	36	0.53	71	1.91	64	-1.24	12	12.03	68	592
Line 11	0.47	53	-3.29	20	4.96	72	-0.26	28	-5.04	11	0.12	32	-0.05	44	1.74	62	-1.74	4	3.11	47	435
Line 12	-0.74	31	-0.41	33	0.96	40	1.42	69	-5.46	9	-0.24	25	-0.45	13	1.55	58	-1.59	7	6.33	59	386
Line 13	0.98	64	-0.43	32	2.87	63	0.67	56	-2.49	21	0.30	37	-0.18	36	-1.82	25	-1.51	9	14.71	70	468
Line 14	0.67	59	0.72	40	1.89	57	1.44	70	0.32	45	-0.25	24	0.13	58	0.94	51	-0.05	42	5.87	56	461
Line 16	-0.41	40	10.48*	73	-0.81	22	0.17	40	-0.35	38	1.57	69	0.41	67	2.47	73	-0.06	41	-3.58	23	476
Line 17	1.38	68	3.85	55	2.45	61	1.21	65	-0.33	39	0.16	33	0.08	55	1.09	54	-1.01	17	12.62	69	500
Line 18	-0.12	48	8.63	67	-0.56	23	0.13	38	-2.23	23	0.69	52	0.02	50	1.70	61	-0.76	27	-2.00	29	427
Line 19	-0.17	46	3.13	50	0.77	39	0.63	55	0.05	43	-1.06	11	-0.30	23	-1.65	27	-3.39*	1	5.27	55	380
Line 20	0.91	62	-2.49	23	1.86	56	-0.31	25	-5.59	8	0.06	29	-0.48	11	1.53	57	-0.91	24	1.78	41	347
Narrow sense heritability (%)	15.01		76.08		11.34		23.69		31.83		65.35		-		72.60		0.28		19.62		

100GW, 100-grain weight; DM, days to maturity; ED, ear diameter with grain; EL, ear length; LL, leaf length; LN, leaf number; LW, leaf weight; PH, plant height; SD, stem diameter.

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.



شکل ۱- دندروگرام خوشه‌بندی سلسله‌مراتبی ۷۳ لاین خالص ذرت بر اساس برآورد ارزش‌های اصلاحی صفات زراعی-زیستی تحت شرایط (A) نرمال و (B) تنش شوری

Figure 1. Dendrogram of hierarchical clustering of 73 maize inbred lines based on estimation of breeding values for the studied agrobiologic traits under (A) normal and (B) salt stress conditions.

درشت و طعم و مزه مناسب به نسل بعد منتقل خواهد شد (Razi *et al.*, 2020). در پژوهش دیگری ارزش‌های اصلاحی لاین‌های Secondary Tritipyrum ایرانی تحت تنش شوری به‌روش بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP) (Roudbari *et al.*, 2017). نتایج نشان داد که وزن سنبله در گیاه و وزن هزار دانه می‌تواند به‌عنوان صفات شاخص برای انتخاب در جمعیت‌های NIPTL و ISTL تحت شرایط نرمال و نیز شرایط تنش شوری استفاده شوند. در مطالعه مارتینز گارسیا و همکاران (Martinez-Garcia *et al.*, 2017) در زمینه برآورد ارزش

مطالعات مختلفی در زمینه برآورد ارزش اصلاحی صفات مرفولوژیک با استفاده از نشانگرها بر اساس روش بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP) انجام شده است. رازی و همکاران (Razi *et al.*, 2020)، ارزش اصلاحی چهارده صفت پومولوژیک انگور را بر اساس نشانگر مولکولی REMAP در ۴۵ رقم انگور آذربایجان غربی با استفاده از بهترین پیش‌بینی نارایب خطی (BLUP) برآورد کردند. نتایج این پژوهش نشان داد که با به‌کارگیری ارزش اصلاحی ارقام در برنامه‌های هیبریداسیون به‌طور بالقوه می‌توان مطمئن شد که صفات مطلوب مانند بی‌دانگی، حبه‌های

سپاسگزاری

از معاونت پژوهش و فناوری دانشگاه ارومیه به خاطر تامین هزینه‌های مالی پژوهش تشکر و قدردانی می‌شود.

تضاد منافع

نویسنده (گان) تایید می‌کنند که این تحقیق در غیاب هر گونه روابط تجاری یا مالی که می‌تواند به‌عنوان تضاد منافع بالقوه تعبیر شود، انجام شده است.

رعایت اخلاق در نشر

نویسنده (گان) اعلام می‌کنند که در نگارش این مقاله به‌طور کامل از اخلاق نشر از جمله سرقت ادبی، سوء رفتار، جعل داده‌ها و یا ارسال و انتشار دوگانه، پیروی کرده‌اند. همچنین این مقاله حاصل یک کار تحقیقاتی اصیل بوده و تا کنون به‌طور کامل به هیچ زبانی و در هیچ نشریه یا همایشی چاپ و منتشر نشده و هیچ اقدامی نیز برای انتشار آن در هیچ نشریه یا همایشی صورت نگرفته و نخواهد گرفت.

اجازه انتشار مقاله

نویسنده (گان) با چاپ این مقاله به صورت دسترسی باز موافقت کرده و کلیه حقوق استفاده از محتوا، جدول‌ها، شکل‌ها، تصویرها و غیره را به ناشر واگذار می‌کنند.

اصلاحی درختان گردو (*Juglans regia*)، پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی و اجزای ژنتیکی با استفاده از مدل‌های مختلط خطی تعمیم یافته برای صفات مربوط به پوست گردو انجام شد. همچنین چندین مطالعه دیگر در زمینه برآورد ارزش اصلاحی درختان میوه هلو (de Souza et al., 2000; Fresnedo-Ramirez et al., 2016)، مرکبات (Imai et al., 2016) و انبه (Hardner et al., 2012) گزارش شده است.

نتیجه‌گیری کلی

پیشگویی ارزش اصلاحی توسط نشانگرها می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاحی را بهبود ببخشد. نشانگر چند ریختی تک نوکلئوتیدی به‌دلیل فراوانی بالا، پوشش مناسب ژنوم، یکی از بهترین گزینه‌ها برای برآورد ارزش اصلاحی است. نتایج آرایه شده در این پژوهش می‌تواند برای انتخاب بهترین فرد از لحاظ ارزش اصلاحی برای صفات مورد مطالعه استفاده شود. در این پژوهش، ژنوتیپ‌های Line3، Line4 و Line14 تحت هر دو شرایط نرمال و تنش شوری، ارزش‌های اصلاحی مثبت و نسبتاً بالایی در بیش‌تر صفات مورد مطالعه داشتند و به‌عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها از نظر ارزش اصلاحی صفات مورد بررسی معرفی می‌شوند.

References

- Ashraf, M. 2001. Relationships between growth and gas exchange characteristics in some salt-tolerant amphidiploid Brassica species in relation to their diploid parents. **Environmental and Experimental Botany** 45 (2): 155-163.
- Atkinson, N. J. and Urwin, P. E. 2012. The interaction of plant biotic and abiotic stresses: from genes to the field. **Journal of Experimental Botany** 63 (10): 3523-3543.
- Bauer, A. M., Reetz, T. C. and Léon, J. 2006. Estimation of breeding values of inbred lines using best linear unbiased prediction (BLUP) and genetic similarities. **Crop Science** 46 (6): 2685-2691.
- Behera, L.M. and Hembram, P. 2021. Advances on plant salinity stress responses in the post-genomic era: A review. **Journal of Crop Science and Biotechnology** 24: 117-126. <https://doi.org/10.1007/s12892-020-00072-3>
- Bernardo, R. and Yu, J. 2007. Prospects for genomewide selection for quantitative traits in maize. **Crop Science** 47 (3): 1082-1090.
- Blanco, F. F., Folegatti, M. V., Gheyi, H. R. and Fernandes, P. D. 2008. Growth and yield of corn irrigated with saline water. **Science Agriculture** 65 (6): 574-580.
- Calus, M. P. 2010. Genomic breeding value prediction: methods and procedures. **Animal** 4 (2): 157-164.
- de Souza, V. A., Byrne, D. H. and Taylor, J. F. 2000. Predicted breeding values for nine plant and fruit characteristics of 28 peach genotypes. **Journal of the American Society for Horticultural Science** 125 (4): 460-465.
- Emdad M. R. and Fardad H. 2000. Effect of salt and water stress on corn yield production. **Iranian Journal of Agriculture Science** 3 (31): 641-654.
- Fageria, N. K., Baligar, V. C. and Jones, C. A. 2010. Growth and mineral nutrition of field crops. CRC Press.

- Falconer, D. S. and Mackay, T. F. C. 1996.** Introduction to quantitative genetics. 1996. Harlow, Essex, UK: Longmans Green, 3.
- Fehr, W. 1991.** Principles of cultivar development: Theory and technique. Macmillian Publishing Company.
- Foulley, J. L. 2015.** Mixed model methodology. Part I: Linear mixed models. Technical Report, e-print: doi: 10.13140/2.1.3072.0320.
- Fresnedo-Ramirez, J., Frett, T. J., Sandefur, P. J., Salgado, A. A., Clark, J. R., Gasic, K., Peace, C., Anderson, N., Hartmann, T. P., Byrne, D. H., Bink, M., Van de Weg, E., Crisosto, C. H. and Gradziel, T. M. 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 (2): 1-25. doi: 10.1007/s11295-016-0985-z.
- Gaikpa, D. S., Kessel, B., Presterl, T., Ouzunova, M., Galiano-Carneiro, A. L., Mayer, M., Melchinger, A. E., Schön, C. C. and Miedaner, T. 2021.** Exploiting genetic diversity in two European maize landraces for improving Gibberella ear rot resistance using genomic tools. **Theoretical and Applied Genetics** 134 (3): 793-805.
- Gianola, D. and Van Kaam, J. B. 2008.** Reproducing kernel Hilbert spaces regression methods for genomic assisted prediction of quantitative traits. **Genetics** 178 (4): 2289-2303.
- Guo, G., Lund, M. S., Zhang, Y. and Su, G. 2010.** Comparison between genomic predictions using daughter yield deviation and conventional estimated breeding value as response variables. **Journal of Animal Breeding and Genetics** 127 (6): 423-432.
- Habier, D., Tetens, J., Seefried, F. R., Lichtner, P. and Thaller, G. 2010.** The impact of genetic relationship information on genomic breeding values in German Holstein cattle. **Genetics Selection Evolution** 42 (1): 1-12.
- Hardner, C. M., Bally, I. S. E. and Wright, C. L. 2012.** Prediction of breeding values for average fruit weight in mango using a multivariate individual mixed model. **Euphytica** 186: 463- 477.
- Hartwig, T., Chuck, G. S., Fujioka, S., Klempien, A., Weizbauer, R., Potluri, D. P. V., Choi, S., Johal, G. S. and Schulz, B. 2011.** Brassinosteroid control of sex determination in maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America** 108:19814-19819.
- Henderson, C. R. 1990.** Statistical methods in animal improvement: historical overview. In: Gianola, D. and Hammond, K. (Eds.), Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock . Springer, Berlin, Heidelberg. pp: 2-14.
- Hirsch, C. N., Foerster, J. M., Johnson, J. M., Sekhon, R. S., Muttoni, G., Vaillancourt, B., Peñagaricano, F., Lindquist, E., Pedraza, M. A., Barry, K., de Leon, N., Kaeppler, S. M. and Buell, C. R. 2014.** Insights into the maize pan-genome and pan-transcriptome. **Plant Cell** 26: 121-35.
- Hu, J. M., Wang, X. Q., Zhang, G. X., Jiang, P., Chen, W. Y., Hao, Y. C., Ma, X., Xu, S. S., Jia, J., Kong, L. R. and Wang, H. W. 2020.** QTL mapping for yield-related traits in wheat based on four RIL populations. **Theoretical and Applied Genetics** 133: 917-933.
- Imai, A., Kuniga, T., Yoshioka, T., Nonaka, K., Mitani, N., Fukamachi, H., Hiehata, N., Yamamoto, M. and Hayashi, T. 2016.** Evaluation of the best linear unbiased prediction method for breeding values of fruit-quality traits in citrus. **Tree Genetics and Genomes** 12 (6): 1-11. doi: 10.1007/s11295-016-1078-8.
- Isik, F., Holland, J. and Maltecca, C. 2017.** Genetic data analysis for plant and animal breeding. Springer. New York.
- Jannink, J. L., Lorenz, A. J. and Iwata, H. 2010.** Genomic selection in plant breeding: from theory to practice. **Briefings in Functional Genomics** 9 (2): 166-177.
- Lawit, S. J., Wych, H. M., Xu, D., Kundu, S. and Tomes, D. T. 2010.** Maize DELLA proteins dwarf plant8 and dwarf plant9 as modulators of plant development. **Plant and Cell Physiology** 51 (11): 1854-68.
- Liang, Y., Liu, Q., Wang, X., Huang, C., Xu, G., Hey, S., Lin, H. Y., Li, C., Xu, D., Wu, L., Wang, C., Wu, W., Xia, J., Han, X., Lu, S., Lai, J., Song, W., Schnable, P. S. and Tian, F. 2018.** ZmMADS69 functions as a flowering activator through the ZmRap2.7-ZCN8 regulatory module and contributes to maize flowering time adaptation. **New Phytologist** doi.org/10.1111/nph.15512.

- Liu, K., Xu, H., Liu, G., Guan, P., Zhou, X., Peng, H., Yao, Y., Ni, Z., Sun, Q. and Du, J. 2018. QTL mapping of flag leaf-related traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Theoretical and Applied Genetics** 131: 839-849.
- Ma, J., Tu, Y., Zhu, J., Luo, W., Liu, H., Li, C., Li, S., Liu, J., Ding, P., Habib, A., Mu, Y., Tang, H., Liu, Y., Jiang, Q., Chen, G., Wang, J., Li, W., Pu, Z., Zheng, Y., Wei, Y., Kang, H., Chen, G. and Lan, X. 2020. Flag leaf size and posture of bread wheat: genetic dissection, QTL validation and their relationships with yield-related traits. **Theoretical and Applied Genetics** 133: 297-315.
- Maas, E. V., Hoffman, G. J., Chaba, G. D., Poss, J. A. and Shannon, M. C. 1983. Salt sensitivity of corn at various growth stages. **Irrigation Science** 4 (1): 45-57.
- Martinez-Garcia, P. J., Famula, R., Leslie, C. A., Mcgranahan, G. H., Famula, T. R. and Neale, D. B. 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 (5): 1-12. doi: 10.1007/s11295-017-1187-z.
- Meyer, K. 2007. WOMBAT: A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B**, 8 (11): 815-821.
- Mazaheri, M., Heckwolf, M., Vaillancourt, B., Gage, J. L., Burdo, B., Heckwolf, S., Barry, K., Lipzen, A., Ribeiro, C. B., Kono, T., Kaeppler, H. F., Spalding, E. P., Hirsch, C. N., Buell, C. R., de Leon, N. and Kaeppler, S. M. 2019. Genome-wide association analysis of stalk biomass and anatomical traits in maize. **BMC Plant Biology** 19: 45.
- Mirmohammadi-Meibodi, A. and Gharayazi, B. 2002. Physiological aspects and breeding for salinity stress in plants. Isfahan University of Technology Publication Center, Isfahan, Iran. (In Persian).
- Molazem, D. 2018. Investigation of yield, yield components and indices of salt tension tolerance in maize cultivars. **Crop Physiology Journal** 10 (39): 93-111.
- Multani, D. S., Briggs, S. P., Chamberlin, M. A., Blakeslee, J. J., Murphy, A. S. and Johal, G. S. 2003. Loss of an MDR transporter in compact stalks of maize br2 and sorghum dw3 mutants. **Science** 302: 81-84.
- Munns, R. and Tester, M. 2008. Mechanisms of salinity tolerance. **Annual Review of Plant Biology** 59: 651-681.
- Najafi, N. and Sarhangzadeh, E. 2012. Effect of NaCl salinity and soil waterlogging on growth characteristics of forage corn in greenhouse conditions. **Journal of Soil and Plant Interactions** 3 (2): 1-15. (In Persian with English Abstract).
- Pal, A. K. and Prodhman, H. S. 1994. Combining ability analysis of grain yield and oil content along with some other attributes in maize (*Zea mays* L.). **Indian Journal of Genetics** 54: 376-380.
- Patterson, H. D. and Thompson, R. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika** 58 (3): 545-554.
- Peiffer, J. A., Romay, M. C., Gore, M. A., Flint-Garcia, S. A., Zhang, Z., Millard, M. J., Gardner, C. A. C., McMullen, M. D., Holland, J. B., Bradbury, P. J. and Buckler, E. S. 2014. The genetic architecture of maize height. **Genetics** 196: 1337-56.
- Piepho, H. P. 2009. Ridge regression and extensions for genomewide selection in maize. **Crop Science** 49 (4): 1165-1176.
- Piepho, H. P., Möhring, J., Melchinger, A. E. and Büchse, A. 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica** 161 (1-2): 209-228.
- Quintal, S. S. R., Viana, A. P., Campos, B., Vivas, M. and Amaral Junior, A. T. 2017. Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. **Revista Brasileira de Fruticultura** 39 (2): doi.org/10.1590/0100-29452017866.
- Ramos, H. C. C., Pereira, M. G., Viana, A. P., da Luz, L. N., Cardoso, D. L. and Ferregueti, G. A. 2014. Combined selection in backcross population of papaya (*Carica papaya* L.) by the mixed model methodology. **American Journal of Plant Sciences** 5 (20): 2973.
- Razi, M., Darvishzadeh, R., Doulati Baneh, H., Amiri, M. E. and Martinez-Gomez, P. 2020. Estimating breeding value of pomological traits in grape cultivars based on REMAP molecular markers. **Journal of Plant Productions** (In Press). doi: 10.22055/PPD.2020.34003.1925.
- Roudbari, Z., Mohammadi-Nejad, G. and Shahsavand-Hassani, H. 2017. Field screening of primary and secondary tritipyrum genotypes using selection indices based on blup under saline and normal conditions. **Crop Science** 57 (3): 1495-1503.
- Ruanjaichon, V., Khammona, K., Thunnom, B., Suriharn, K., Kerdsri, C., Aesomnuak, W., Yongsuwan, A., Chaomueang, N., Thammaphichai, P., Arikrit, S. and Wanchana, S., 2021.

- Identification of gene associated with sweetness in corn (*Zea mays* L.) by genome-wide association study (GWAS) and development of a functional SNP marker for predicting sweet corn. **Plants** 10 (6): 1239.
- Saghai-Marooif, M. A., Soliman, K. M., Jorgensen, R. A. and Allard, R. W. 1984.** Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America** 81: 8014-8018.
- Sajedi, N. and Ardekani, A. 2008.** Effect of nitrogen fertilizer, iron on the physiological indices forage maize in central provinces. **Iranian Journal of Field Crops Research** 6 (1): 99-110. (In Persian with English Abstract).
- Stuber, C. W., Moll, R. H. and Hanson, W. D. 1966.** Genetic variance and interrelationships of six traits in a hybrid population of *Zea mays* L. **Crop Science** 6: 455-458.
- Teng, F., Zhai, L., Liu, R., Bai, W., Wang, L., Huo, D., Tao, Y., Zheng, Y. and Zhang, Z. 2013.** ZmGA3ox2, a candidate gene for a major QTL, *qPH3.1*, for plant height in maize. **The Plant Journal** 73: 405-16.
- Tan, W. W., Wang, Y., Li, Y. X., Liu, C., Liu, Z. Z., Peng, B., Wang, D., Zhang, Y., Sun, B. C., Shi, Y. S., Song, Y. C., Yang, D. G., Wang, T. Y. and Li, Y. 2011.** QTL analysis of ear traits in maize across multiple environments. **Scientia Agricultura Sinica** 44: 233-244.
- Thudi, M., Upadhyaya, H. D., Rathore, A., Gaur, P. M., Krishnamurthy, L., Roorkiwal, M. and Varshney, R. K. 2014.** Genetic dissection of drought and heat tolerance in chickpea through genome-wide and candidate gene-based association mapping approaches. **PLoS One** 9 (5): e96758.
- Unterseer, S., Bauer, E., Haberer, G., Seidel, M., Knaak, C., Ouzunova, M., Meitinger, T., Strom, T. M., Fries, R., Pausch, H. and 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): 1-15.
- Villumsen, T. M. and Janss, L. 2009.** Bayesian genomic selection: the effect of haplotype length and priors. **BMC Proceedings** 3 (Suppl 1), S11.
- Winkler, R. G. and Helentjaris, T. 1995.** The maize Dwarf3 gene encodes a cytochrome P450-mediated early step in gibberellin biosynthesis. **Plant Cell** 7: 1307-17.
- Xiao, Y., Tong, H., Yang, X., Xu, S., Pan, Q., Qiao, F., Raihan, M. S., 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. and Yan, J. 2016.** Genomewide dissection of the maize ear genetic architecture using multiple populations. **New Phytologist** 210: 1095-1106.
- Yang, R.-C. 2010.** Towards understanding and use of mixed-model analysis of agricultural experiments. **Canadian Journal of Plant Science** 90: 605-627.
- Zhao, Y., Li, Z., Liu, G., Jiang, Y., Maurer, H. P., Würschum, T., Mock, H. P., Matros, A., Ebmeyer, E. and Schachschneider, R. 2015.** Genome-based establishment of a high-yielding heterotic pattern for hybrid wheat breeding. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America** 112(51): 15624-15629.
- Zhou, G., Zhu, Q., Yang, G., Huang, J., Cheng, S., Yue, B. and Zhang, Z. 2015.** qEL7.2 is a pleiotropic QTL for kernel number per row, ear length and ear weight in maize (*Zea mays* L.). **Euphytica** 203: 429-436.



(Research Article)

Cereal Research
Vol. 11, No. 1, Spring 2021 (55-75)

**Estimating breeding value of agrobiologic traits in maize (*Zea mays* L.)
under normal and salinity stress conditions based on single nucleotide
polymorphism (SNP) marker**

Gohar Afrouz¹, Reza Darvishzadeh^{2*}, Hadi Alipour³, José Marcelo Soriano Viana⁴
and Mitra Razi⁵

Received: January 18, 2021

Accepted: March 17, 2021

Abstract

The first step in maize breeding programs is to use the genetic diversity existing between populations, cultivars and genotypes. Molecular markers provide the possibility to estimate the breeding value of agrobiological traits of genotypes using best liner unbiased prediction (BLUP). In this study, the breeding value for ten traits including weight of 100 grains, days to maturity, diameter of ear together with grain, ear length, leaf weight, leaf number, plant height, stem diameter, leaf length and yield were predicted in 73 lines with high phenotypic diversity under normal and stress conditions using the best liner unbiased prediction (BLUP) procedure. Considering the sum of ranks of the breeding values of all the studied traits, P13L3, Line1, Line4 and Line17 were the best genotypes. Under normal conditions, P3L2 genotype for days to maturity and plant height, Line6 genotype for diameter of ear together with grain and yield and Line19 genotype for ear length, plant height, yield and stem diameter showed high and positive breeding values. Under salt stress conditions, Line2 genotype for weight of 100 grains, diameter of ear together with grain, ear length and Line16 genotype for days to maturity, leaf weight and plant height showed high and positive breeding values. As genotypes with high and positive breeding values can better transfer their characteristics to their progenies, so they can be introduced as a suitable parent for breeding of these traits in breeding programs.

Keywords: Additive effect, Best liner unbiased prediction (BLUP), Mixed linear model, Yield and yield components

1. Ph. D. Student, Dept. of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran

2. Prof., Dept. of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran

3. Assist. Prof., Dept. of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran

4. Prof., Dept. of General Biology, Federal University of Viçosa, Brazil

5. Graduate Ph. D., Dept. of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran

* Corresponding author: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir