



University of Guilan  
Faculty of Agricultural Sciences



RESEARCH PAPER

OPEN ACCESS

## Assessing the phenotypic and molecular selection indices for grain yield improvement in maize (*Zea mays* L.)

Marjan Jannatdoust<sup>1</sup>, Reza Darvishzadeh<sup>2\*</sup> and Hadi Alipour<sup>3</sup>

1. Graduate Ph.D., Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.
2. Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran (\* Corresponding author: [r.darvishzadeh@urmia.ac.ir](mailto:r.darvishzadeh@urmia.ac.ir))
3. Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran

### Comprehensive abstract

#### Introduction

Maize as a tropical cereal is a main source of food for humans and livestock, as well as biofuels and fiber in some regions of the world. Increasing maize production is one of the main priorities of the country, Iran. One of the elements of increasing production is development of new high-yielding cultivars. To improve a complex trait such as grain yield that has low heritability, indirect selection by other traits or developing a suitable index based on several traits can be used. The objective of the present study was to prepare appropriate selection indices in maize to improve grain yield. In this regard, linear phenotypic selection index (LPSI) and linear molecular selection index (LMSI) were calculated using the combination of morphological traits and informative ISSR molecular markers.

#### Materials and methods

The plant materials of this research were 97 maize genotypes that were cultivated in a randomized complete block design with six replications in the research field of the Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran. Morphological traits were measured from the tasseling stage to the physiological maturity. Sixty ISSR primer combinations were used to prepare the molecular profile of the studied maize genotypes. To select the suitable genotypes, two indices including linear phenotypic selection index and linear molecular selection index were used, and the efficiency of the indices was compared with the estimation of different criteria such as the rate of genetic gain and response to selection.

#### Research findings

The results of the linear phenotypic selection index showed that the highest rate of genetic gain based on the index ( $\Delta G$ ) was observed for chlorophyll content (99.15) and the lowest one for number of ears per plant (0.01). The expected genetic gain for all studied traits ( $\Delta H$ ) and response to selection was estimated at 163.2234 and 0.774, respectively. Based on the linear molecular selection index, the highest rate of genetic gain ( $\Delta G$ ) was observed for leaf area (99.31) and the lowest one was observed for number of ears per plant (0.02). The expected genetic gain for all studied traits ( $\Delta H$ ) and response to selection was also estimated at 50.972 and 0.774, respectively. The results showed that the correlation between index and breeding value ( $r_{HI}$ ) in the LPSI index was relatively favorable (less than one), and in the LMSI index was optimal (one), but both correlations were significant at 0.05 probability level according to the t-test. However, the efficiency of selection based on the index ( $\Delta H$ ) was 163.22 for the LPSI index and 50.97 for the LMSI index. On the other hand, the degree of genetic gain of trait ( $\Delta G$ ) was different depending on the type of index. For example, the ratio of genetic gain



( $\Delta G$ ) derived from molecular to phenotypic index for the number of ears per plant and grain yield (2.00 and 1.28, respectively) was higher than the other traits. Also, the best genotype based on both indices was genotype number of 61.

### **Conclusion**

According to the results obtained from the present study and the review of sources in this field, it seems that it is possible to benefit from the advantages of development of the LMSI index in the breeding programs in early generations, but in advanced generations, it is better to select genotypes using the LPSI index, in which case the cost of molecular evaluations will be reduced.

**Keywords:** Indirect selection, Marker-trait regression, Molecular index, Phenotypic index

---

Received: May 8, 2023

Accepted: August 6, 2023

### **Cite this article:**

**Jannatdoust, M., Darvishzadeh, R. and Alipour, H. 2023.** Evaluation of phenotypic and molecular selection index for yield improvement in maize (*Zea mays* L.). *Cereal Research*, 13(2), pp. 145-161.



## ارزیابی شاخص‌های انتخاب فنوتیپی و مولکولی برای بهبود عملکرد دانه در ذرت (*Zea mays* L.)

مرجان جنت‌دوست<sup>۱</sup>، رضا درویش‌زاده<sup>۲\*</sup> و هادی علیپور<sup>۳</sup>

۱- دانش‌آموخته دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران  
۲- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران (\* نویسنده مسئول):  
[r.darvishzadeh@urmia.ac.ir](mailto:r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)

۳- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

### چکیده جامع

**مقدمه:** ذرت از جمله غلات مناطق گرمسیری و یک منبع اصلی تامین غذا برای انسان و دام و همچنین تهیه سوخت‌های زیستی و فیبر در برخی نقاط جهان است. افزایش تولید ذرت از اولویت‌های اساسی کشور محسوب می‌شود. یکی از ارکان افزایش تولید، توسعه ارقام جدید پرمحصول است. برای بهبود صفت پیچیده‌ای مانند عملکرد دانه که وراثت‌پذیری پایینی دارد، می‌توان از انتخاب غیرمستقیم توسط صفات دیگر و یا شاخص‌های انتخاب توسعه‌یافته بر اساس چند صفت استفاده کرد. هدف از مطالعه حاضر تهیه شاخص‌های گزینش مناسب در ذرت در راستای بهبود عملکرد دانه بود. در این راستا، شاخص انتخاب فنوتیپی خطی (LPSI) و شاخص انتخاب مولکولی خطی (LMSI) با استفاده از ترکیب صفات مورفولوژیک و نشانگرهای مولکولی ISSR آگاهی‌بخش محاسبه شد.

**مواد و روش‌ها:** مواد گیاهی این پژوهش ۹۷ ژنوتیپ ذرت بود که در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با شش تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه کشت شدند. اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک از مرحله تاسل‌دهی تا رسیدگی فیزیولوژیک انجام گرفت. برای تهیه پروفیل مولکولی ژنوتیپ‌های ذرت مورد مطالعه از ۱۶ ترکیب آغازگر ISSR استفاده شد. جهت انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب از دو شاخص شامل شاخص انتخاب فنوتیپی خطی و شاخص انتخاب مولکولی خطی استفاده و کارایی شاخص‌ها با برآورد پارامترهای مختلف مانند میزان پیشرفت ژنتیکی و پاسخ به گزینش حاصل از آن‌ها مقایسه شد.

**یافته‌های تحقیق:** نتایج به‌دست آمده از شاخص انتخاب فنوتیپی خطی نشان داد که بالاترین میزان پیشرفت ژنتیکی بر مبنای شاخص ( $\Delta G$ ) برای صفت محتوای کلروفیل (۹۹/۱۵) و کم‌ترین آن برای صفت تعداد بلال در بوته (۰/۰۱) مشاهده شد. میزان بهره مورد انتظار از شاخص برای مجموع صفات مورد مطالعه ( $\Delta H$ ) و پاسخ به گزینش (RS) نیز به ترتیب ۱۶۳/۲۲۳۴ و ۰/۷۷۴ برآورد شد. بر اساس شاخص انتخاب مولکولی خطی، بالاترین میزان پیشرفت ژنتیکی بر مبنای شاخص ( $\Delta G$ ) برای صفت مساحت برگ (۹۹/۳۱) و کم‌ترین مقدار آن برای صفت تعداد بلال در بوته (۰/۰۲) مشاهده شد. میزان بهره مورد انتظار از شاخص برای مجموع صفات مورد مطالعه ( $\Delta H$ ) و پاسخ به گزینش (RS) در این شاخص به ترتیب ۵۰/۹۷۲ و ۰/۷۷۴ برآورد

شد. نتایج نشان داد که مقدار همبستگی شاخص و ارزش اصلاحی ( $r_{HI}$ ) در شاخص LPSI معنی‌دار و در حد نسبتاً مطلوب (کم‌تر از یک) و در شاخص LMSI معنی‌دار و در حد مطلوب (یک) بود، اما کارایی انتخاب از طریق شاخص ( $\Delta H$ ) برای شاخص LPSI برابر با ۱۶۳/۲۲ و برای شاخص LMSI برابر با ۵۰/۹۷ بود. از طرفی میزان پیشرفت ژنتیکی صفات با توجه به نوع شاخص متفاوت بود. به‌عنوان نمونه، نسبت میزان پیشرفت ژنتیکی برای صفات تعداد بلال در بوته و عملکرد از طریق شاخص مولکولی به فنوتیپی بیش‌تر از بقیه صفات و به‌ترتیب برابر با ۲/۰۰ و ۱/۲۸ به‌دست آمد. بهترین ژنوتیپ نیز بر اساس هر دو شاخص، ژنوتیپ شماره ۶۱ بود.

**نتیجه‌گیری:** با توجه به نتایج به‌دست آمده از تحقیق حاضر و مرور منابع انجام شده در این زمینه، به‌نظر می‌رسد که بتوان در پروژه‌های به‌نژادی در نسل‌های در حال تفرق اولیه از مزایای توسعه شاخص LMSI بهره‌مند شد، اما در نسل‌های پیشرفته‌تر بهتر است گزینش ژنوتیپ‌ها را با شاخص LPSI انجام داد که در این صورت هزینه ارزیابی‌های مولکولی هم کم خواهد شد.

**واژه‌های کلیدی:** انتخاب غیر مستقیم، رگرسیون نشانگر-صفت، شاخص انتخاب فنوتیپی، شاخص انتخاب مولکولی

---

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۲/۱۸

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۵/۱۵

**نحوه استناد به این مقاله:**

جنت‌دوست، مرجان، درویش‌زاده رضا و علیپور، هادی. ۱۴۰۲. ارزیابی شاخص‌های انتخاب فنوتیپی و مولکولی برای بهبود عملکرد دانه در ذرت (*Zea mays* L.). تحقیقات غلات، ۱۳(۲): ۱۶۱-۱۴۵.

## مقدمه

ذرت نسبت به سایر غلات، در محدوده جغرافیایی و محیطی وسیع‌تری، از خط استوا تا مناطق شمالی و جنوبی با عرض جغرافیایی ۵۰۰ درجه، از سطح دریا تا ارتفاع بیش از ۳۰۰۰ متری، و در شرایط آب و هوایی با بارندگی شدید تا نیمه‌خشک و خنک تا بسیار گرم رشد می‌کند (Gazal *et al.*, 2017). تقاضا برای ذرت در سال ۲۰۲۰ تا ۷۸۴ میلیون تن افزایش یافت و کشورهای در حال توسعه، سهم مهمی در این افزایش تقاضا داشتند (Gazal *et al.*, 2017). صفات کمی (Quantitative traits; QTs)، نتیجه اثرات ژنی غیرقابل مشاهده هستند که در ژنوم‌های گیاهی یا جانوری توزیع شده‌اند و بین خود و با محیط تعامل دارند و فنوتیپ‌های گیاهی و حیوانی قابل مشاهده را تولید می‌کنند (Mather and Jinks, 1971; Falconer and MaCkay, 1996; Cerón-Rojas and Crossa, 2018).

در انتخاب‌های مرسوم در فرایند اصلاح گیاهان، بهترین گزینه با مقادیر ژنوتیپی بالا (مشاهده نشده) با این فرض که این مقادیر ژنوتیپی متناسب با مقادیر فنوتیپی مشاهده شده هستند، انتخاب می‌شوند. در سال ۱۹۳۶ اسمیت (Smith, 1936) مقاله‌ای به نام "عملکرد متمایز برای انتخاب گیاه" منتشر کرد که در آن روشی آماری برای انتخاب والدین در چرخه‌های بعدی انتخاب، بر اساس ترکیب خطی چندین صفت کمی ( $I = \beta'y$ ) ارائه شده است (Cerón-Rojas and Crossa, 2022). این روش، بهبود چندین صفت را که در تنوع افزایشی، وراثت‌پذیری، اهمیت اقتصادی و نیز در همبستگی میان فنوتیپ‌ها و ژنوتیپ‌های در زمینه اصلاح گیاه و حیوان متفاوت هستند، امکان‌پذیر می‌سازد (Hazel *et al.*, 1994; Cerón-Rojas and Crossa, 2022). هیزل و لاش (Hazel and Lush, 1942)، این روش انتخاب را انتخاب بر اساس "امتیاز کل" نامیدند، در حالی که هیزل (Hazel, 1943)، آن را "شاخص انتخاب" و سرون-روچاس و کروسا (Cerón-Rojas and Crossa, 2018)، آن را "شاخص انتخاب فنوتیپی خطی (Linear phenotypic selection)" نام‌گذاری کردند. اسمیت (Smith, 1936)، اولین کسی بود که تئوری شاخص انتخاب فنوتیپی خطی تک مرحله‌ای (LPSI) را با دو فرض زیر توصیف کرد: ۱- مقادیر ژنوتیپی که شاخصی خالص ژنتیکی را تشکیل می‌دهند، کاملاً از اثرات افزایشی ژن‌ها

تشکیل شده‌اند و ۲- LPSI و شاخصی ژنتیکی خالص دارای توزیع نرمال دو متغیره هستند (Cerón-Rojas and Crossa, 2020).

شاخص‌های انتخاب به‌عنوان ترکیبی خطی از صفات فنوتیپی مورد علاقه هستند که در آن ضریب مربوط به هر صفت با به حداکثر رساندن همبستگی بین شاخصی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی با توجه به وزن آن‌ها به‌دست می‌آید. شاخص انتخاب Smith-Hazel را شاخص بهینه نیز می‌نامند (Bernardo, 2010; Hidalgo-Contreras *et al.*, 2021). برای تخمین بردار ضرایب برای شاخص بهینه، باید از ارزش اقتصادی صفات و ماتریس‌های واریانس-کوواریانس فنوتیپی و ژنوتیپی بین صفات اطلاع داشت (Hidalgo-Contreras *et al.*, 2021). بعداً شاخص‌های انتخاب متفاوتی در اصلاح نباتات پیشنهاد شدند که عموماً از تخمین پارامترهای ژنتیکی یا میانگین فنوتیپی به‌دست آمده با استفاده از تجزیه و تحلیل واریانس ساخته می‌شوند (Moreira *et al.*, 2019). زمانی که برآوردهای دقیق واریانس و کوواریانس در دسترس باشد، شاخص Smith-Hazel ارجحیت دارد (Hazel, 1943; Strefeler and Wehner, 1986; Htwe *et al.*, 2020). چند مطالعه، مزایای انتخاب همزمان برای چند صفت را با استفاده از شاخص‌های انتخاب فنوتیپی خطی گزارش کرده‌اند (Branlard *et al.*, 1992; Karthikeya Reddy and Babariya, 2022; Iqbal *et al.*, 2020). اهداف نظریه LPSI پیش‌بینی شاخصی ژنتیکی خالص (Net genetic merit)، به حداکثر رساندن پاسخ به انتخاب (Selection response) و سود ژنتیکی مورد انتظار در هر صفت (Expected genetic gains per trait) یا پاسخ به انتخاب چندمتغیره (چندصفتی) (Multi-trait selection) و ارائه یک قانون عینی (واقع‌گرایانه) برای به‌زادگر جهت ارزیابی و انتخاب والدین برای چرخه بعدی انتخاب بر اساس چندین صفت است. پاسخ به انتخاب، میانگین نتاج والدین منتخب (Selected parents) است، در حالی که سود ژنتیکی مورد انتظار در هر صفت یا پاسخ به انتخاب چندمتغیره (چندصفتی)، میانگین جمعیت هر صفت تحت انتخاب نتاج والدین منتخب (Progeny of the selected parents) است (Cerón-Rojas and Crossa, 2018).

از مطالعه تهیه و معرفی شاخص‌های گزینش مناسب در ذرت در راستای بهبود عملکرد دانه بود.

### مواد و روش‌ها

#### مواد گیاهی و ارزیابی فنوتیپی

در این پژوهش بذرهاى ۹۷ ژنوتیپ ذرت (جدول ۱)، از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خراسان رضوی و دانشگاه رازی کرمانشاه تهیه شد. واکنش فنوتیپی هر یک از ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با شش تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه در شرایط گلدانی مورد ارزیابی قرار گرفت. صفات آگرو- مورفولوژیک مورد مطالعه شامل وزن دانه در بوته (گرم)، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، ارتفاع بوته تا بلال (سانتی‌متر)، طول و عرض برگ (سانتی‌متر)، سطح برگ، شاخص سطح برگ، تعداد بلال در بوته، میزان کلروفیل (شاخص SPAD)، وزن چوب بلال (گرم)، قطر ابتدای چوب بلال (سانتی‌متر)، قطر وسط چوب بلال (سانتی‌متر)، طول چوب بلال (سانتی‌متر)، وزن خشک بوته (گرم)، تاریخ ظهور گل نر (روز) و تاریخ ظهور بلال اول (روز) بودند که در ۹۷ ژنوتیپ ذرت در هر شش تکرار اندازه‌گیری شدند. در این آزمایش هر گلدان حاوی یک بوته به منزله یک تکرار در نظر گرفته شد.

#### ارزیابی ژنوتیپی

از ۱۶ ترکیب آغازگر ISSR برای تهیه پروفیل مولکولی ژنوتیپ‌های ذرت استفاده شد. بدین منظور در مرحله چهار برگی، نمونه‌برداری از برگ‌ها انجام و نمونه‌ها به فریزر با دمای ۸۰- درجه سلسیوس منتقل شدند. DNA ژنومی با روش (CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide)، مطابق با جنت‌دوست و همکاران (Jannatdoust *et al.*, 2014) استخراج شد. سنجش کیفیت DNA، از طریق الکتروفورز ژل آگارز یک درصد و ارزیابی کمی آن با دستگاه اسپکتوفتومتری (BioPhotometer Eppendorf) در طول موج‌های ۲۶۰، ۲۸۰ و ۲۳۰ نانومتر انجام شد. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (Polymerase chain reaction; PCR) با آغازگرهای نشانگر مولکولی ISSR (جدول ۲)، مطابق با غفاری‌آذر و همکاران (Ghaffari Azar *et al.*, 2018) انجام شد.

در سیر تکامل توسعه شاخص‌های انتخاب، چند سالی است شاخص انتخاب مولکولی خطی (Linear marker selection index; LMSI) در راستای عملیاتی کردن گزینش به‌کمک نشانگر در فرایند اصلاح گیاهان پیشنهاد شده است (Lande and Thompson, 1990)، که از مقادیر امتیاز فنوتیپی و نشانگرهای مولکولی به‌طور مشترک برای پیش‌بینی شایستگی ژنتیکی خالص استفاده می‌کند. LMSI اطلاعات مربوط به نشانگرهای مرتبط با مکان صفت کمی (QTL) و مقادیر فنوتیپی صفات را برای پیش‌بینی شایستگی خالص ژنتیکی نامزدها برای انتخاب ترکیب می‌کند، زیرا شناسایی همه QTL‌هایی که بر صفات مهم اقتصادی تأثیر می‌گذارند، ممکن نیست (Lande and Thompson, 1990; Li, 1998; Dekkers and Settar, 2004; Dekkers, 2007; Cerón-Rojas and Crossa, 2022; Crossa *et al.*, 2022). LSI مرکب (Combined LSI) برای پیش‌بینی  $H (H = w'gq)$  یک ترکیب خطی از مقادیر فنوتیپی و امتیازهای نشانگرها (LMSI) یا مقادیر فنوتیپی و GEBV‌ها که در اصطلاح LGSI مرکب (Combined LGSI) نامیده می‌شود، لازم است (Cerón-Rojas and Crossa, 2022). کارایی شاخص انتخاب مولکولی خطی به عوامل مختلفی مانند تعداد و تراکم نشانگرهای مرتبط با QTL، اندازه جمعیت، وراثت‌پذیری صفت، واریانس‌های ژنتیکی افزایشی توضیح داده شده توسط نشانگرها و دقت اثر تخمینی جایگزینی ژن بستگی دارد (Dekkers and Dentine, 1991; Cerón-Rojas and Crossa, 2022). پاسخ به انتخاب و همبستگی بین شاخص و شایستگی ژنتیکی خالص، پارامترهای شاخص اصلی هستند. آن‌ها همچنین معیارهایی هستند که برای مقایسه کارایی هر شاخص خطی در پیش‌بینی شایستگی ژنتیکی خالص استفاده می‌شوند (Cerón-Rojas and Crossa, 2020). در سال‌های اخیر، گسترش کاربرد شاخص انتخاب مولکولی، موجب افزایش دقت انتخاب و سود ژنتیکی شده است (Randhawa *et al.*, 2013; Gill *et al.*, 2021). در این مطالعه، شاخص انتخاب فنوتیپی خطی (LPSI) و شاخص انتخاب مولکولی خطی (LMSI) با استفاده از ترکیب صفات مهم مورفولوژیک ذرت و نشانگرهای مولکولی ISSR آگاهی‌بخش تهیه و میزان پیشرفت ژنتیکی و پاسخ به گزینش حاصل از آنها برآورد و باهم مقایسه شد. هدف

جدول ۱- ژنوتیپ‌های ذرت مورد استفاده در تحقیق حاضر  
Table 1. Maize genotypes used in the current research

Code	Genotype	Code	Genotype	Code	Genotype	Code	Genotype
1	Tenptato (White- First class)	26	20*1399	51	P3L2	76	K12264/ 5-1
2	K1263-1388	27	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	52	P14L1 Kahia	77	R=59
3	36-N/M-K3653/2	28	K19/1	53	P19I3	78	K615/1
4	89-4*	29	K166 B/89	54	P9L3 Kahia	79	B73
5	9/K1911	30	163*/6/15	55	P15 L16 Kahia	80	OH43/1042 (Paternal)
6	74*/1388	31	KE70012/ 1-12 -1388	56	P11L7	81	R59 (Paternal)
7	8/K1911	32	A679/420N89	57	P14L2	82	Super sweet-1387 Basin
8	25*/89	33	K18-B /1392 (Indonesia-Colombia)	58	P14L2	83	Challenged 1389/st
9	K1264 /1	34	66*1388	59	P10L5	84	Sweet white/ 1390
10	48*1390	35	70*1388	60	P16L6 Kahia	85	52*Sweet
11	13/K19/1	36	14*/89	61	P16L4 Kahia	86	Popcorn-53 or 54 (Line)
12	11K1910	37	6*/88	62	P15L4	87	W37a
13	5/K1911	38	3K19/1	63	P1L4 (Dialell-Karaj)	88	KS13
14	4/K1911	39	K1263/1 (Sterilized)	64	P11L6	89	R319
15	7/K1911	40	1387/193/ Chase*	65	P9L6	90	R59 (Paternal)
16	6/K19/1	41	K615/1	66	P13L3	91	W153R
17	2K1911	42	39*89(Sibcer)	67	P3L11	92	K1533 Popcorn
18	55-N- K3640/S	43	16*/89	68	P3L1	93	R59*R (Double cross- maternal)
19	43*89 (Red cob corn)	44	115*13981(White cob corn)	69	P10L7	94	B73(RFC or CMS)
20	172*/89	45	138*/89	70	P16L12 Kahia	95	1264/ 1
21	67*/88	46	K19*/1392 (Isolate)	71	P1L15 Kahia	96	MO17
22	23*89	47	P13L2	72	P19L5 Kahia	97	ZK472221
23	10/K 19/1	48	P19L17 Kahia	73	P10L9		
24	1*/89 (Red cob corn)	49	P15L16	74	K615/1		
25	34*/1399	50	P6L1	75	OH43/1-42		

## شاخص انتخاب فنوتیپی خطی (LPSI)

شاخص انتخاب فنوتیپی خطی (LPSI)، ترکیبی خطی از مقدار چندین صفت با وزن بهینه و قابل مشاهده است که امکان افزودن شایستگی اضافی را در یک صفت به منظور جبران نقص جزئی در صفت دیگر فراهم می‌کند (Hazel, 1943; Cerón-Rojas and Crossa, 2018; Juliana *et al.*, 2022). ساخت LPSI بر اساس صفات آگرو- مورفولوژیک مورد مطالعه در نرم‌افزار RIndSel (Index Selection with R) انجام گرفت (Pacheco *et al.*, 2017). هیزل و لوش (Hazel and Lush, 1942) و اسمیت و همکاران (Smith *et al.*, 1981) از وراثت‌پذیری صفات یا حاصل‌ضرب وراثت‌پذیری در وزن اقتصادی صفات

به‌عنوان ضرایب LPSI استفاده کردند (Cerón-Rojas and Crossa, 2018). بنابراین، زمانی که صفات مستقل و وزن‌های اقتصادی مشخص باشند، LPSI را می‌توان به‌صورت زیر برآورد کرد (رابطه ۱):

$$I = \sum_{i=1}^t w_i h_i^2 y_i \quad (1)$$

اما وقتی که وزن‌های اقتصادی ناشناخته هستند، LPSI را می‌توان به‌صورت زیر ساخت (رابطه ۲):

$$I = \sum_{i=1}^t h_i^2 y_i \quad (2)$$

در این روابط  $w_i$  و  $h_i^2$  به ترتیب وزن اقتصادی، وراثت‌پذیری و مقدار فنوتیپی صفت  $y_i$  هستند (Cerón-Rojas and Crossa, 2018).

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای ISSR مورد استفاده در توسعه شاخص‌های انتخاب در ژنوتیپ‌های ذرت

Table 2. Characteristics of the ISSR primers used in the development of selection indices in maize genotypes

Primer	Primer sequence (3'→5')	Annealing Temperature (°C)	Multiplied bands	Polymorphic bands	Band size (Minimum-Maximum)(bp)
UBC890	VHV(GT)7	56	7	7	600- 1700
B9	(GGT)2CAAG	35	4	3	500- 1000
A12	(GA)6CC	42	5	5	600- 1700
UBC807	(AG)8T	46	5	3	300- 2500
UBC811	(GA)8	48	2	2	750-1000
UBC812	(GA)8A	42	7	7	600-1700
UBC820	(GT)8C	52	6	6	500-1500
UBC825	(AC)7T	52	3	3	300-2000
UBC827	(AC)8G	54	7	7	750-2200
UBC835	(AG)8YC	52	3	3	750-2500
UBC841	(GA)8YC	41	6	6	350-1000
UBC 848	(CA)8RG	55	7	7	450-1600
UBC867	(GGC)6	40	3	3	500-1000
UBC884	HBH(AG)7	40	3	3	550-650
UBC885	(AC)8YT	40	4	4	500-1000
A7	(AG)10T	52	4	4	500-1000

شد. برای تهیه این فایل، نشانگرهای آگاهی‌بخش (Informative markers) با تجزیه ارتباطی در نرم‌افزار TASSEL3.0 شناسایی شدند. برای کنترل شناسایی نشانگرهای دروغین در تجزیه ارتباطی، تجزیه ساختار جمعیت و تجزیه خوشباندی به ترتیب با نرم‌افزار Structure و TASSEL انجام گرفت. فایل QTL-Score مورد استفاده در ساخت شاخص انتخاب مولکولی خطی، با تجزیه رگرسیون برای هر صفت به صورت جداگانه و با در نظر گرفتن نشانگرهای آگاهی‌بخش پیوسته با ژن‌های کنترل‌کننده صفت به عنوان متغیر  $x$  و میانگین فنوتیپی صفت به عنوان متغیر  $y$  یا متغیر پیوسته با نرم‌افزار SPSS16.0 تهیه شد. در ادامه با استفاده از داده‌های فنوتیپی، پروفیل داده‌های مولکولی، وزن اقتصادی صفات (همگی برابر یک در نظر گرفته شدند)، اطلاعات حاصل از تجزیه ارتباطی و تجزیه رگرسیون (فایل QTL-Score)، شاخص انتخاب مولکولی خطی ساخته شد. در واقع هدف LMSI پیش‌بینی شایستگی ژنتیکی خالص هر فرد و انتخاب افراد دارای بالاترین شایستگی ژنتیکی خالص برای اصلاح برترین است. در زمینه LMSI، شایستگی ژنتیکی خالص را می‌توان به صورت زیر نوشت (رابطه ۳):

$$H = w'g + w'_2s = [w' \quad w'_2] \begin{bmatrix} g \\ s \end{bmatrix} = a'z \quad (3)$$

که در آن،  $g' = [g_1 \quad \dots \quad g_q]$  بردار ارزش اصلاحی،  $w' = [w_1 \quad \dots \quad w_t]$  بردار وزن‌های اقتصادی مرتبط با  $g$ ،  $w'_2 = [0_1 \quad \dots \quad 0_t]$  یک بردار

مفروضات اصلی برای توسعه نظریه LPSI به شرح زیر است (Smith, 1936): بردار مقادیر ژنوتیپی  $g$  (میانگین مقادیر فنوتیپی در جمعیت (بزرگ) محیط‌ها، یا ساختار ژنتیکی یک ارگانیسم یا سلول) که به طور کامل از اثرات افزایشی ژن‌ها تشکیل شده است و بنابراین، ارزش اصلاحی گیاه یا حیوان است و  $H$  (The net genetic merit)، کل ارزش ژنوتیپی فردی (Total individual genotypic value) است ( $H_q = w'g_q$ ) (Hazel and Lush, 1942; Kempthorne and Nordskog, 1959; Cerón-Rojas and Crossa, 2022). رگرسیون  $H$  روی  $y$  خطی است (Kempthorne and Nordskog, 1959; Cerón-Rojas and Crossa, 2022)، و می‌توان مقادیر  $H$  و  $y$  را در قالب یک مدل رگرسیون خطی چندگانه نوشت، که در آن  $H$  و  $y$  به ترتیب متغیرهای وابسته و مستقل و هر دو تصادفی هستند (Cerón-Rojas and Crossa, 2022). برای پیش‌بینی  $H$ ، باید مقادیر ضرایب رگرسیون LPSI را برآورد کرد تا مقادیر LPSI به بهترین وجه افرادی را که دارای بالاترین مقادیر  $H$  هستند، مشخص کند (Smith, 1936; Cerón-Rojas and Crossa, 2022).

شاخص انتخاب مولکولی خطی (LMSI): شاخص بر اساس ترکیب صفات آگرو- مورفولوژیک با نشانگرهای مولکولی آگاهی‌بخش در نرم‌افزار RIndSel (Selection with R Index) (Pacheco et al., 2017) ساخته شد. برای این منظور، نخست فایل QTL-Score تهیه



صفت است (Cerón-Rojas and Crossa, 2022). فایل "outtextSmith.txt" حاوی تمام اطلاعات شامل ماتریس واریانس-کواریانس فنوتیپی و ژنتیکی، کواریانس شاخص با ارزش اصلاحی، واریانس ارزش اصلاحی، پاسخ به انتخاب، ضرایب صفات در شاخص و غیره است (Cerón-Rojas and Crossa, 2022). دستورالعمل راهنمای کاربران در آدرس <https://data.cimmyt.org/dataset.xhtml?persistentId=hdl:11529/10854> قابل دسترس است.

## نتایج و بحث

### شاخص انتخاب فنوتیپی خطی

نتایج حاصل از شاخص LPSI نشان داد که صفات شاخص سطح برگ و قطر ابتدای چوب بلال به ترتیب بالاترین ضرایب مثبت و منفی را دارا بودند (جدول ۳). مثبت بودن علامت ضرایب هر صفت مورفولوژیک در شاخص، دلیل بر اثر افزایش آن صفت و منفی بودن آن دلیل بر اثر کاهش صفت مورد نظر در شاخص است (Tahmasbali *et al.*, 2021). ضرایب مثبت و منفی با توجه به رابطه برآورد ضرایب در شاخص فنوتیپی خطی قابل توجیه هست. برای برآورد ضرایب جهت ساخت این شاخص، ماتریس واریانس-کواریانس فنوتیپی و ماتریس واریانس-کواریانس ژنتیکی به همراه ارزش اقتصادی صفات استفاده می‌شود. کواریانس بزرگ بین صفات در علامت ضرایب مؤثر است. اگر محاسبات به صورت نظری برای دو صفت انجام شود، این مساله به راحتی قابل استنتاج است. بالاترین میزان پیشرفت ژنتیکی بر مبنای شاخص ( $\Delta$ ) برای صفت محتوای کلروفیل (۹۹/۱۵) و کم‌ترین برای صفت تعداد بلال (۰/۰۱) مشاهده شد. میزان بهره مورد انتظار از شاخص برای مجموع صفات مورد مطالعه و پاسخ به انتخاب به ترتیب ۱۶۳/۲۲۳۴ و ۰/۷۷۴ برآورد شد. بهترین افراد بر مبنای شاخص LPSI، افراد با شماره ۲۸ (Smith index = 1094.70)، ۷۶ (Smith index = 991.68)، ۶۵ (Smith index = 936.50)، ۶۱ (Smith index = 933.73) و ۶۲ (Smith index = 936.03) بودند (جدول ۴). فقط در صفت میزان کلروفیل، میانگین افراد برگزیده کم‌تر از میانگین کل افراد بود. کاهش شاخص کلروفیل در افراد منتخب احتمالاً می‌تواند به علت افزایش سطح برگ و اندازه سلول و کاهش تراکم کلروفیل در سطح برگ باشد.

شاخص‌های انتخاب فنوتیپی و مولکولی برای بهبود عملکرد ذرت صفر که با بردار امتیازهای نشانگر  $s' = [s_1 \dots s_t]$  مرتبط است،  $s_i$  آمین امتیاز نشانگر است.  $a' = [w_1' \ w_2']$  و  $z = [g' \ s']$  اطلاعات ارائه شده توسط امتیاز نشانگر را می‌توان در برنامه‌های اصلاحی برای افزایش دقت پیش‌بینی شایستگی ژنتیکی خالص افراد تحت انتخاب استفاده کرد. LMSI، امتیازات فنوتیپی و نشانگر را برای پیش‌بینی H در هر چرخه انتخاب ترکیب می‌کند و می‌تواند به صورت زیر نوشته شود:

$$I_M = \beta'_y y + \beta'_s s = [\beta'_y \ \beta'_s] \begin{bmatrix} y \\ s \end{bmatrix} = \beta' t \quad (۴)$$

که در آن،  $B'_y$  و  $B'_s$  به ترتیب بردارهای وزن‌های امتیاز فنوتیپی و نشانگر،  $y' = [y_1 \dots y_t]$  بردار مقادیر فنوتیپی صفت،  $\beta' = [\beta'_y \ \beta'_s]$ ،  $t' = [y' \ s']$  در رابطه (۳) تعریف شده است.

سود ژنتیکی مورد انتظار LMSI در هر صفت طبق رابطه (۵) محاسبه شد که در آن،  $k_I$  دیفرانسیل انتخاب استاندارد LMSI،  $Z_M = \text{Var} \begin{bmatrix} g \\ s \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C & S \\ S & P \end{bmatrix}$  به ترتیب ماتریس واریانس کواریانس فنوتیپی، ژنوتیپی و مولکولی می‌باشد.

$$\hat{E}'_M = k_I \frac{\hat{\beta}' Z_M}{\sqrt{\hat{\beta}' T_M \hat{\beta}}} \quad (۵)$$

RIndSel که محاسبات شاخص با آن انجام گرفت، یک نرم‌افزار قدرتمند کاملاً خودکار با زبان R تحت جاوا است که به صورت رایگان در دسترس می‌باشد و شاخص‌های مختلفی مانند شاخص انتخاب فنوتیپی خطی پایه (Base linear phenotypic selection index; BLPSI)، شاخص انتخاب فنوتیپی خطی (LPSI)، شاخص انتخاب ژنومی خطی (Linear genomic selection index; LGSI) و غیره را به راحتی و کارآمد محاسبه می‌کند که برای انتخاب کاندیداها به عنوان والدین برای چرخه بعدی انتخاب مفید هستند (Cerón-Rojas and Crossa, 2022). این نرم‌افزار نتایج پارامترهای شاخص تخمین زده شده را در دو فایل اکسل (به عنوان نمونه `alloutSmith.csv` و `outSmith.csv`) که "Smith" نشان‌دهنده LPSI مورد استفاده برای تجزیه و تحلیل است) و یک فایل متنی (`outtextSmith.txt`) ارائه می‌دهد. فایل "alloutSmith.csv" حاوی ارزش شاخص و میانگین صفات ژنوتیپ‌ها است، در حالی که فایل "outSmith.csv" حاوی ارزش شاخص و میانگین صفات ژنوتیپ‌های منتخب به همراه سود ژنتیکی مورد انتظار هر

جدول ۳- ضرایب صفات در شاخص انتخاب LPSI (Smith) در ذرت  
Table 3. Traits coefficients in LPSI selection index (Smith) in maize

Trait coefficient (b <sub>i</sub> ) †													r <sub>HI</sub>	σ <sub>H</sub> <sup>2</sup>	K (i=10%)	ΔH	RS
GWP	PH	PHE	LL	LA	LAI	EPP	Ch	CDW	CDBP	CDMP	CL	DFEE					
0.61	0.21	3.50	0.38	-20.88	64778.32	-28.62	-0.24	1.78	-80.24	32.03	2.79	3.29	0.857*	11710.559	1.76	163.2234	0.774

\* Significant at the 5% probability level.

† GWP, Grain weight per plant; PH, Plant height; PHE, Plant height up to ear; LL, Leaf length; LA, Leaf area; LAI, Leaf area index; EPP, No. of ear per plant; Ch, Chlorophyll content; CDW, Cob wood weight; CDBP, Wood diameter in the beginning of cob; CDMP, Wood diameter in the middle of cob; CL, Cob length; DFEE, Appearance date of the first ear; r<sub>HI</sub>, Correlation between index and additive value; σ<sub>H</sub><sup>2</sup>, Variance of breeding value; K, Standard selection differential; ΔH = Kr<sub>HI</sub>δ<sub>H</sub>, Amount of expected gain from the index for the total of traits; RS, Response to selection; i=Selection intensity.

جدول ۴- شاخص انتخاب LPSI (Smith) برای ژنوتیپ‌های ذرت (*Zea mays* L.) با استفاده از نشانگر مولکولی ISSR  
Table 4. LPSI selection index (Smith) for maize genotypes (*Zea mays* L.) with ISSR molecular marker

Individual	Trait †														
	GWP	PH	PHE	LL	LA	LAI	EPP	Ch	CDW	CDBP	CDMP	CL	DFEE	Smith index	
28	20.34	209.79	123.8	80.83	518.08	0.17	2	37.07	11.79	2.86	2.35	13.8	85.21	1094.70	
76	60.29	185.43	79.28	60.94	426.87	0.15	2	39.07	19.09	2.77	2.35	14.32	83.33	991.68	
65	61.17	179.07	75	62.93	369.90	0.13	1.99	36.13	20.20	2.72	2.48	16.12	77.98	936.50	
61	73.73	203.83	84.15	72.56	543.74	0.18	2	43.75	29.01	3.32	2.85	17.53	76	933.73	
62	82.17	182.32	70.3	63.06	459.56	0.16	2.17	41.32	21.73	2.93	2.62	16.5	81	932.03	
Mean of selected individuals	59.54	192.09	86.51	68.06	463.63	0.16	2.03	39.47	20.36	2.92	2.53	15.65	80.70		
Mean of all individuals	44.63	149.30	59.88	57.10	317.26	0.11	1.79	50.81	14.62	2.59	2.32	13.12	77.99		
Selection differential	14.91	42.79	26.63	10.97	146.37	0.05	0.24	-11.35	5.74	0.33	0.21	2.53	2.71		
Expected genetic gain based on index for each trait (5%)	16.52	32.51	22.69	9.15	91.34	0.03	0.01	99.15	4.18	0.25	0.25	2.26	3.49		

† GWP, Grain weight per plant; PH, Plant height; PHE, Plant height up to ear; LL, Leaf length; LA, Leaf area; LAI, Leaf area index; EPP, No. of ear per plant; Ch, Chlorophyll content; CDW, Cob wood weight; CDBP, Wood diameter in the beginning of cob; CDMP, Wood diameter in the middle of cob; CL, Cob length; DFEE, Appearance date of the first ear.

## شاخص انتخاب مولکولی خطی (LMSI)

با تجزیه رگرسیون نشانگر-صفت (نشانگرهای شناسایی شده به‌عنوان متغیر پیشگو و ارزش فنوتیپی صفت به‌عنوان متغیر پاسخ)، ضرایب نشانگرهای آگاهی‌بخش شناسایی شده با رویکرد مدل خطی مخلوط برآورد شد (جدول ۵). اطلاعات آرایه شده در جدول ۵ (QTL-Score) در کنار داده‌های فنوتیپی و داده‌های نشانگر (ماتریس صفر و یک ژنوتیپ-نشانگر) و ارزش اقتصادی صفات برای ساخت شاخص انتخاب مولکولی ضروری است. بالاترین میزان پیشرفت ژنتیکی بر مبنای شاخص ( $\Delta$ ) برای نسبت سطح برگ (۹۹/۳۱) و کم‌ترین مقدار برای تعداد بلال (۰/۰۲) مشاهده شد. میزان بهره مورد انتظار از شاخص برای مجموع صفات و پاسخ به انتخاب به ترتیب ۵۰/۹۷۲ و ۰/۷۷۴ برآورد شد. بهترین افراد بر مبنای شاخص LMSI افراد با شماره ۸۸ (LMSI index = 1304.58)، ۱۶ (LMSI index = 1203.16)، ۵۶ (LMSI index = 1161.12)، ۶۱ (LMSI index = 1083.91) و ۱۰۲ (LMSI index = 1079.1) بودند (جدول ۶).

عملکرد، یک صفت کمی است و بهبود عملکرد دانه از طریق انتخاب مستقیم زمان‌بر است. انتخاب غیرمستقیم با شاخص‌های انتخاب امیدوارکننده‌تر است (Modarresi, et al., 2004). شاخص‌های انتخاب ممکن است به‌عنوان پایه‌ای برای بهبود همزمان بیش از یک صفت یا برای افزایش اثربخشی انتخاب برای یک صفت با ترکیب اطلاعات روی یک یا چند صفت ثانویه استفاده شوند (Pesek and Baker, 1970). شاخص‌های انتخاب، توابع خطی از صفات مختلف هستند و برتری یا پایین‌تر بودن نسبی ژنوتیپ‌ها را برای همه صفات به‌طور همزمان نشان می‌دهند (Bernardo, 2010; Smiderle et al., 2019). شاخص انتخاب از بهترین روش‌های اصلاحی برای بهبود ژنتیکی چندین صفت به‌طور همزمان در گیاهان زراعی است (Mahdy et al., 2022). عمران‌ی و همکاران (Emrani et al., 2008)، نشان دادند که در هر دو شرایط معمول و تنش نیتروژن، انتخاب لاین‌های مورد مطالعه بر اساس شاخص برداشت و شاخص برداشت نیتروژن بالاتر، سبب به‌گزینی لاین‌های پرمحصول می‌شود. در مطالعه ایشان ضریب سرعت رشد در شرایط معمول و تنش در هر دو شاخص اسمیت-هیزل و پسک-بیکر منفی بود. خاوری خراسانی و مهدی‌پور (Khorasani and Mahdi Poor, 2018)، در بررسی

شاخص‌های انتخاب برای بهبود ژنتیکی عملکرد دانه در ذرت در شرایط آبیاری مطلوب و تنش کم‌آبی، از پنج شاخص انتخاب بهینه (اسمیت-هیزل) و یک شاخص انتخاب پایه (پسک-بیکر (Pesk-Baker) برای غربالگری ژنوتیپ‌های ذرت استفاده کردند. در مطالعه آنها شاخص اسمیت هیزل در هر دو محیط غیر تنش و تنش، نسبت به سایر شاخص‌ها بیش‌ترین سودمندی نسبی را نشان داد. توی و همکاران (Htwe et al., 2020) در برنج اعلام کردند که تعداد پنجه، درصد دانه پر و تعداد سنبلچه در خوشه همبستگی ژنتیکی مثبت و معنی‌داری با عملکرد و نیز اثر مستقیم مثبت بر عملکرد دانه داشتند. همچنین شاخص انتخاب بر اساس ترکیب تعداد پنجه، درصد دانه پر، تعداد سنبلچه در خوشه و عملکرد دانه در بوته، بیش‌ترین پیشرفت ژنتیکی و کارایی نسبی را به‌همراه داشت. در ارزیابی شاخص‌های انتخاب توسط سرون-روچاس و همکاران (Cerón-Rojas et al., 2023)، پاسخ به انتخاب در ذرت و گندم به ترتیب ۱۵۶۷/۱۳ و ۱۲۹۱/۵ بود، در حالی که همبستگی‌ها به ترتیب ۰/۸۷ و ۰/۸۵ برآورد شد. برای سایر وزن‌های اقتصادی، پاسخ به انتخاب ۰/۷۹ و ۲/۶۷ بود، در حالی که همبستگی‌ها به ترتیب ۰/۵۸ و ۰/۸۲ بودند. آنها تابع سود را گزینه مناسبی برای تعیین وزن اقتصادی در به‌نژادی گیاهی عنوان کردند.

هیزل و لوش (Hazel and Lush, 1942)، بیان کردند که برتری انتخاب بر اساس شاخص با افزایش تعداد صفات (Characters) تحت انتخاب افزایش می‌یابد. رابینسون و همکاران (Robinson et al., 1951)، در ذرت افزایش تدریجی در کارایی شاخص‌های انتخاب را با گنجاندن ویژگی‌های اضافی در فرمول شاخص، ثبت کردند. بریم و همکاران (Brim et al., 1959) در سویا، رابینسون و همکاران (Robinson et al., 1951) و سوانتارادون و همکاران (Suwantaradon et al., 1975)، اسمیت و همکاران (Smith et al., 1981) در ذرت، ایگل و فری (Eagles and Frey, 1974) در یولاف (جو دوسر)، گراویس و مک‌نیو (Gravois and McNew, 1993)، ربیعی و همکاران (Rabiei et al., 2004) و صبوری و همکاران (Sabouri et al., 2008) در برنج و عشقی و همکاران (Esheghi et al., 2011) و شاه و همکاران (Shah et al., 2016) در گندم، با استفاده از انتخاب شاخص، پاسخ مورد انتظار بیش‌تری برای صفات در مقایسه با انتخاب مستقیم گزارش کردند.

جدول ۵- ضرایب QTL شناسایی شده برای هر یک از صفات مورد بررسی در ذرت

Table 5. The coefficients of identified QTLs for each of the studied traits in maize

GWP		PH		PHE		LL		LA		LAI		EPP	
Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$
820(1200)	9.21	B9(700)	-14.35	B9(700)	-7.92	890(900)	-4.31	B9(700)	-38.34	B9(700)	-0.01	890(1000)	-0.19
825(1000)	3.88	812(1000)	-26.44	812(1000)	-18.95	884(650)	4.21	884(650)	15.79	884(650)	0	825(1000)	0.38
841(350)	-18.94			848(750)	7.2	884(550)	5.17	884(550)	50.36	884(550)	0.02		
885(600)	18					812(1400)	-2.41	812(1300)	-14.04	812(1300)	0		
						812(1300)	0.48						
Ch		CDW		CDBP		CDMP		CL		DFEE			
Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$	Marker	$\beta$		
B9 (700)	16.22	812(600)	2.83	812(1000)	-0.34	890(1300)	0.08	812(1400)	2.3	807(460)	-2.65		
848(550)	-8.49	885(600)	4.03	885(600)	0.14	812(1000)	-0.36	825(1000)	1.4	812(1500)	2.18		
A7(600)	64.01	885(500)	-2.78			812(600)	0.07	827(1700)	-1.74	841(350)	4.16		
								867(750)	-2.35	A7(600)	2.38		
								885(600)	1.81				
								885(500)	-1.53				

GWP, Grain weight per plant; PH, Plant height; PHE, Plant height up to ear; LL, Leaf length; LA, Leaf area; LAI, Leaf area index; EPP, No. of ear per plant; Ch, Chlorophyll content; CDW, Cob wood weight; CDBP, Wood diameter in the beginning of cob; CDMP, Wood diameter in the middle of cob; CL, Cob length; DFEE, Appearance date of the first ear.

جدول ۶- شاخص انتخاب LMSI برای ژنوتیپ‌های ذرت (*Zea mays* L.) با نشانگر مولکولی ISSRTable 6. LMSI selection index for maize (*Zea mays* L.) genotypes with ISSR molecular marker

Individual	GWP	PH	PHE	LL	LA	LAI	EPP	Ch	CDW	CDBP	CDMP	CL	DFEE	LMSI index
88	30.89	58.65	28.6	59.69	344.80	0.11	1.32	36.25	12.39	2.27	2.28	12.5	79.64	1304.58
16	46.24	128	45.45	42.59	256.61	0.09	2	34.57	13.54	2.28	2.15	11.73	83	1203.16
56	59.87	160.87	55.42	50.83	261.98	0.09	1	37.39	20.83	2.85	2.35	16.37	80.17	1161.12
61	73.73	203.83	84.15	72.56	543.74	0.18	2	43.75	29.01	3.32	2.85	17.53	76	1083.91
102	12.20	166.71	58.8	53.70	290.95	0.10	1.99	46.28	13.25	2.25	2.07	14.5	80.49	1079.1
MSI	44.59	143.61	54.48	55.87	339.62	0.11	1.66	39.65	17.80	2.59	2.34	14.53	79.86	
MAI	44.63	149.30	59.88	57.10	317.26	0.11	1.79	50.81	14.62	2.59	2.32	13.12	77.99	
SD	-0.04	-5.68	-5.39	-1.22	22.36	0.01	-0.13	-11.17	3.18	0.01	0.02	1.40	1.87	
$\Delta G$	21.13	34.32	23.70	9.26	99.31	0.03	0.02	43.12	2.90	0.27	0.05	1.66	2.79	
Index parameter	$r_{HI}$	$\delta_{HI}^2$	K	$\Delta H$	RS									
Value	1.0	838.743	1.76	50.972	0.774									

GWP, Grain weight per plant; PH, Plant height; PHE, Plant height up to ear; LL, Leaf length; LA, Leaf area; LAI, Leaf area index; EPP, No. of ear per plant; Ch, Chlorophyll content; CDW, Cob wood weight; CDBP, Wood diameter in the beginning of cob; CDMP, Wood diameter in the middle of cob; CL, Cob length; DFEE, Appearance date of the first ear. MSI, Mean of selected individuals; MAI, Mean of all individuals; SD, Selection differential;  $\Delta G$ , Expected genetic gain based on index for each trait (5%);  $r_{HI}$ , Correlation between index with additive value;  $\delta_{HI}^2$ , Variance of breeding value; K, Selection differential in standard unit;  $\Delta H$ , Expected genetic gain from the index for all traits; RS, Response to selection.

در مطالعه کارتیکیاردی و باباریا ( Karthikeya و Reddy and Babariya, 2020)، توسعه شاخص انتخاب برای بهبود عملکرد گندم نان با چهار صفت عملکرد دانه در بوته، تعداد دانه در سنبله اصلی، وزن دانه در سنبله اصلی و عملکرد زیستی در بوته کارایی نسبی بالایی را نشان داد. طهماسبی (Tahmasbali et al., 2021)، در توتون شرقی نشان دادند که انتخاب بر مبنای دو شاخص Smith-Hazel و Brim، با داشتن بالاترین همبستگی با ارزش اصلاحی و داشتن سودمندی نسبی بالای گزینش، سودمندتر است. چندین محقق ( Zhang and Smith, 1992, 1993; Gimelfarb and Lande, 1994, 1995; Cerón-Rojas and Crossa, 2022)، به مفید بودن توسعه LMSI در جمعیت‌های اینبرد با اندازه‌های جمعیت بزرگ و صفات با وراثت‌پذیری پایین، زمانی که تنها یک صفت و نمره مولکولی مرتبط با آن در نظر گرفته می‌شود، اشاره کرده‌اند.

مقدار همبستگی شاخص و ارزش اصلاحی ( $r_{HI}$ ) در شاخص LPSI (Smith)، نسبتاً مطلوب (کم‌تر از یک) و در شاخص LMSI در حد مطلوب (یک) بود. هر دو همبستگی بر اساس آزمون  $t$  در سطح پنج درصد معنی‌دار بودند، اما کارایی انتخاب از طریق شاخص ( $\Delta H$ ) برای شاخص LPSI، ۱۶۳/۲۲ و برای شاخص LMSI، ۵۰/۹۷ بود. در این آزمایش، جمعیت مورد مطالعه لاین‌های خالص بود. در جمعیت لاین‌های خالص به‌علت خودگشنی

مکرر تثبیت اثرات ژنی و تقلیل اثرات غالبیت اتفاق افتاده است. احتمالاً به‌این دلیل کارایی انتخاب از طریق LMSI پایین‌تر از LPSI است. موراً و همکاران ( Moreau et al., 2000, 2007) دریافتند که شاخص LMSI فقط در آزمایش‌های نسل اولیه از LPSI مؤثرتر است و LMSI به‌دلیل ارزیابی با نشانگرهای مولکولی دارای هزینه اضافی است (Cerón-Rojas and Crossa, 2022). با توجه به نتایج این آزمایش و مرور منابع می‌توان نتیجه‌گیری کرد که در برنامه‌های اصلاحی در نسل‌های در حال تفرق اولیه بهتر است از مزایای شاخص LMSI بهره‌مند شد و در نسل‌های پیشرفته‌تر، گزینش را با توسعه LPSI انجام داد که در این صورت هزینه ارزیابی‌های مولکولی هم کاهش خواهد یافت. از طرفی میزان پیشرفت ژنتیکی صفات بسته به نوع شاخص متفاوت بود. به‌عنوان نمونه نسبت پیشرفت ژنتیکی از طریق شاخص مولکولی به فنوتیپی برای صفات تعداد بلال در بوته و عملکرد بیش‌تر از بقیه صفات و به‌ترتیب برابر ۲/۰۰ و ۱/۲۸ بود (جدول ۷). بنابراین برای صفات با ژنتیک پیچیده که شدیداً تحت تأثیر محیط و اثر متقابل ژنوتیپ  $\times$  محیط قرار می‌گیرند، بهبود از طریق انتخاب احتمالاً با شاخص مولکولی مطلوب‌تر از فنوتیپی باشد. این مساله حتی با تغییر نوع نشانگر از تصادفی (که در این آزمایش استفاده شد)، به نشانگرهای عملکردی مانند SNP می‌تواند نمود بیش‌تری پیدا کند.

جدول ۷- نسبت میزان پیشرفت ژنتیکی هر صفت ( $\Delta G$ ) و بهره مورد انتظار برای مجموع صفات ( $\Delta H$ ) با استفاده از شاخص انتخاب مولکولی نسبت به شاخص انتخاب فنوتیپی در ذرت

Table 7. The ratio of the genetic gain for each trait ( $\Delta G$ ) and the expected gain for all traits ( $\Delta H$ ) using the molecular index to phenotypic index in maize

Trait <sup>†</sup>	GWP	PH	PHE	LL	LA	LAI	EPP	Ch	CDW	CDBP	CDMP	CL	DFEE	$\frac{\Delta H_{LMSI}}{\Delta H_{LPSI}}$
$\frac{\Delta G_{LMSI}}{\Delta G_{LPSI}}$	1.28	1.06	1.04	1.01	1.09	1.00	2.00	0.43	0.69	1.08	0.20	0.73	0.80	0.31

<sup>†</sup> GWP, Grain weight per plant; PH, Plant height; PHE, Plant height up to ear; LL, Leaf length; LA, Leaf area; LAI, Leaf area index; EPP, No. of ear per plant; Ch, Chlorophyll content; CDW, Cob wood weight; CDBP, Wood diameter in the beginning of cob; CDMP, Wood diameter in the middle of cob; CL, Cob length; DFEE, Appearance date of the first ear.

### نتیجه‌گیری کلی

نتایج نشان داد که همبستگی شاخص و ارزش اصلاحی ( $r_{HI}$ ) در شاخص LPSI، نسبتاً مطلوب (کم‌تر از یک) و در شاخص LMSI در حد مطلوب (یک) بود، اما کارایی انتخاب از طریق شاخص ( $\Delta H$ ) برای شاخص LPSI، ۱۶۳/۲۲ و برای شاخص LMSI، ۵۰/۹۷ بود. از طرفی میزان پیشرفت ژنتیکی صفات بسته به نوع شاخص متفاوت

در این مطالعه دو شاخص انتخاب فنوتیپی خطی (LPSI; Smith) و شاخص انتخاب مولکولی خطی (LMSI) روی یک جمعیت ذرت متشکل از ۹۷ ژنوتیپ بر اساس صفات مورفولوژیک و نشانگرهای مولکولی ISSR تهیه و بر اساس معیارهای مختلف باهم مقایسه شدند.

## 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 تاکنون 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.

بود. به‌عنوان نمونه، نسبت میزان پیشرفت ژنتیکی برای صفات تعداد بلال در بوته و عملکرد از طریق شاخص مولکولی به فنوتیپی به ترتیب ۲/۰۰ و ۱/۲۸ و بیش‌تر از سایر صفات بود. در مجموع با توجه به نتایج به‌دست آمده از این مطالعه و مرور منابع در این زمینه، پیشنهاد می‌شود که در پروژه‌های اصلاحی در نسل‌های در حال تفرق اولیه، از مزایای شاخص LMSI به‌رمند شد و در نسل‌های پیشرفته، گزینش را با توسعه LPSI انجام داد که در این صورت هزینه ارزیابی‌های مولکولی هم کم خواهد شد.

## 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.

## 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.

## References

- Bernardo, R. 2010.** Breeding for Quantitative Traits in Plants, 2<sup>nd</sup> Edition. Stemma Press, Woodbury, MN, USA.
- Branlard, G., Pierre, J. and Rousset, M. 1992.** Selection indices for quality evaluation in wheat breeding. *Theoretical and Applied Genetics*, 84, pp. 57-64. <https://doi.org/10.1007/BF00223981>.
- Brim, C.A., Johnson, H.W. and Cockerham, C.C. 1959.** Multiple selection criteria in soybeans. *Agronomy Journal*, 51, pp. 42-46. <https://doi.org/10.2134/agronj1959.00021962005100010015x>.
- Cerón-Rojas, J.J. and Crossa, J. 2018.** Linear selection indices in modern plant breeding. (eBook). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-91223-3>.
- Cerón-Rojas, J.J. and Crossa, J. 2020.** Combined multi-stage linear genomic selection indices to predict the net genetic merit in plant breeding. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 10(6), pp. 2087-2101. <https://doi.org/10.1534/g3.120.401171>.
- Cerón-Rojas J.J. and Crossa J. 2022.** The statistical theory of linear selection indices from phenotypic to genomic selection. *Crop Science*, 62, pp. 537-563. <https://doi.org/10.1002/csc2.20676>.
- Cerón-Rojas, J.J., Gowda, M., Toledo, F., Beyene, Y., Bentley, A.R. Crespo-Herrera, L., Gardner, K. and Crossa, J. 2023.** A linear profit function for economic weights of linear phenotypic selection indices in plant breeding. *Crop Science*, pp. 1-13. <https://doi.org/10.1002/csc2.20882>.
- Crossa, J., Cerón-Rojas, J.J., Martini, J.W.R., Covarrubias-Pazarán, G., Alvarado, G., Toledo, F.H. and Govindan, V. 2022.** Theory and Practice of Phenotypic and Genomic Selection Indices. In: Reynolds, M.P. and Braun, H.J. (Eds.). *Wheat Improvement*. Springer, Cham. pp. 593-616. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-90673-3\\_32](https://doi.org/10.1007/978-3-030-90673-3_32).
- Dekkers, J.C.M. 2007.** Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124, pp. 331-341. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00701.x>.
- Dekkers, J.C.M. and Settar, P. 2004.** Long-term selection with known quantitative trait loci. In: Janick, J. (Es.). *Plant Breeding Reviews. Part 1. Long-Term Selection: Maize. Vol. 24.* John Wiley and Sons, Inc. pp. 311-335. <https://doi.org/10.1002/9780470650240.ch14>.
- Dekkers, J.C.M. and Dentine, M.R. 1991.** Quantitative genetic variation associated with chromosomal markers in segregating populations. *Theoretical and Applied Genetics*, 81, pp. 212-220. <https://doi.org/10.1007/BF00215725.f>.
- Eagles, H.A. and Frey, K.J. 1974.** Expected and actual gains in economic value of oat lines from five selection methods. *Crop Science*, 14, pp. 861-864. <https://doi.org/10.2135/cropsci1974.0011183X001400060026x>.

- Emrani, S., Rezaei, A. and Arzani A. 2008.** Comparison of selection indices for yield and related traits of barley under nitrogen stress and non-stress conditions. *Journal of Crop Production and Processing*, 11(42), pp. 183-194. [In Persian]. <https://dorl.net/dor/20.1001.1.22518517.1386.11.42.16.5>.
- Esheghi, R., Javid, O. and Samira, S. 2011.** Genetic gain through selection indices in hullless barley. *International Journal of Agriculture and Biology*, 13, pp. 191-197.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996.** Introduction to Quantitative Genetics. 4<sup>th</sup> Edition. Longman, New York, 464 p.
- Gazal, A., Nehvi, F.A., Lone, A.A., Dar, Z.A. and Wani, M.A. 2017.** Smith Hazel selection index for the improvement of maize inbred lines under water stress conditions. *International Journal of Pure and Applied Bioscience*, 5(1), pp. 72-81.
- Gill, H.S., Halder, J., Zhang, J., Brar, N.K., Rai, T.S., Hall, C., Bernardo, A., Amand, P.S., Bai, G., Olson, E., Ali, S., Turnipseed, B. and Sehga, S.K. 2021.** Multi-trait multi-environment genomic prediction of agronomic traits in advanced breeding lines of winter wheat. *Frontiers of Plant Science*, 12, 709545. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.709545>.
- Gimelfarb, A. and Lande, R. 1994.** Simulation of marker-assisted selection in hybrid populations. *Genetic Research*, 63, pp. 39-47. <https://doi.org/10.1017/S0016672300032067>.
- Gimelfarb, A. and Lande, R. 1995.** Marker-assisted selection and marker-QTL associations in hybrid populations. *Theoretical and Applied Genetics*, 91, pp. 522-528. <https://doi.org/10.1007/BF0022298>.
- Ghaffari Azar, A., Darvishzadeh, R., Hatami Maleki, H., Kahrizi, D., Darvishi, B. and Bernoosi, I. 2018.** Identification of inter simple sequence repeat regions associated with agro-morphological traits in maize genome. *Cereal Research*, 8(1), pp. 97-109. [In Persian]. <https://doi.org/10.22124/c.2018.8211.1322>.
- Gravois, K.A. and McNew, R.W. 1993.** Genetic relationships among and selection for rice yield and yield components. *Crop Science*, 33, pp. 249-252. <https://doi.org/10.2135/cropsci1993.0011183X003300020006x>.
- Hazel, L.N. 1943.** The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28, pp. 476-490. <https://doi.org/10.1093/genetics/28.6.476>.
- Hazel, L.N. and Lush, J.L. 1942.** The efficiency of three methods of selection. *Journal of Heredity*, 33(11), pp. 393-399. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a105102>.
- Hazel, L.N., Dickerson, G.E. and Freeman, A.E. 1994.** The selection index: Then, now, and for the future. *Journal of Dairy Science*, 77, pp. 3236-3251. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(94\)77265-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(94)77265-9).
- Hidalgo-Contreras, J.V., Salinas-Ruiz, J. and Eskridge, K.M. 2021.** Molecular markers and causal structure among traits using a Smith-Hazel index and structural equation models. *Agronomy*, 11, 1953. <https://doi.org/10.3390/agronomy11101953>.
- Htwe, N.M., Aye, M. and Thu, C.N. 2020.** Selection index for yield and yield contributing traits in improved rice genotypes. *International Journal of Engineering Research and Development*, 11(2), pp. 86-91.
- Iqbal, M., Semagn, K., Céron-Rojas, J.J., Crossa, J., Jarquin, D., Howard, R., Beres, B.L., Strenzke, K., Ciechanowska, I. and Spaner, D. 2022.** Identification of spring wheat with superior agronomic performance under contrasting nitrogen managements using linear phenotypic selection indices. *Plants*, 11, 1887. <https://doi.org/10.3390/plants11141887>.
- Jannatdoust, M., Darvishzadeh, R. and Ebrahimi, M.A. 2014.** Studying genetic diversity in confectionary sunflower (*Helianthus annuus* L.) by using microsatellit markers. *Crop Biotechnology*, 4(6), pp. 61-72. [In Persian]. <https://dorl.net/dor/20.1001.1.22520783.1393.4.6.6.0>.
- Juliana, P., He, X., Poland, J., Roy, K.K., Malaker, P.K., Mishra, V.K., Chand, R., Shrestha, S., Kumar, U., Roy, C., Gahtyari, N.C., Joshi, A.K., Singh, R.P. and Singh, P.K. 2022.** Genomic selection for spot blotch in bread wheat breeding panels, full-sibs and half-sibs and index-based selection for spot blotch, heading and plant height. *Theoretical and Applied Genetics*, 135, pp. 1965-1983. <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04087-y>.
- Karthikeya Reddy, S.G.P. and Babariya, C.A. 2020.** Selection indices for yield improvement in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 11(1), pp. 314-317. <https://doi.org/10.37992/2020.1101.056>.
- Kempthorne, O. and Nordskog, A.W. 1959.** Restricted selection indices. *Biometrics*, 15(1), pp. 10-19. <https://doi.org/10.2307/2527598>.

- Khavari Khorasani, S. and Mahdi Poor A. 2018.** Genetic improvement of grain yield by determination of selection index in single cross hybrids of maize (*Zea mays* L.). *Plant Genetic Reseearch*, 5(1), pp. 1-18. [In Persian]. <https://dor.org/10.29252/pgr.5.1.1>.
- Lande, R. and Thompson, R. 1990.** Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics*, 124, pp. 743-756. <https://doi.org/10.1093/genetics/124.3.743>.
- Li, Z. 1998.** Molecular Analysis of Epistasis Affecting Complex Traits. In: Paterson, A.H. (Ed.). *Molecular Dissection of Complex Traits*. CRC Press, Boca Raton. pp.119-130.
- Mahdy, R.E., Althagafi, Z.M.A., Al-Zahrani, R.M., Aloufi, H.H.K., Alsalmi, R.A., Abeed, A.H.A., Mahdy, E.E. and Tammam, S.A. 2022.** Comparison of desired genetic gain selection indices in late generations as an insight on superior family formation in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agronomy*, 12(8), 1738. <https://doi.org/10.3390/agronomy12081738>.
- Mather, K. and Jinks, J.L. 1971.** *Biometrical Genetics: The Study of Continuous Variation*. Springer, New York. <https://doi.org/10.1007/978-1-4899-3404-8>.
- Modarresi, M., Assad, M.T. and Kheradnam, M. 2004.** Determining selection indices in corn hybrids (*Zea mays* L.) to increase grain. *Journal of Water and Soil Science*, 7(4); pp. 71-82. [In Persian]. <https://dorl.net/dor/20.1001.1.24763594.1382.7.4.7.7>.
- Moreau, L., Lemarié, S., Charcosset, A. and Gallais, A. 2000.** Economic efficiency of one cycle of marker-assisted selection efficiency. *Crop Science*, 40, pp. 329-337. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.402329x>.
- Moreau, L., Hospital, F. and Whittaker, J. 2007.** Marker-Assisted Selection and Introgression. In: Balding, D.J., Bishopm, M. and Cannings, C. (Eds.). *Handbook of Statistical Genetics*. 3<sup>rd</sup> Edition. John Wiley and Sons, Ltd. New York, pp. 718-751. <https://doi.org/10.1002/9780470061619.ch21>.
- Moreira, S.O., Kuhlcamp, K.T., de Souza Barros, F.L., Zucoloto, M. and Godinho, T.O. 2019.** Selection index based on phenotypic and genotypic values predicted by REML/BLUP in Papaya. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 41(1), e-079. <https://doi.org/10.1590/0100-29452019079>.
- Pacheco, A., Pérez, S., Alvarado, G., Ceron, J., Rodríguez, F., Crossa, J. and Burgueño, J. 2017.** RIndSel: Selection Indices for Plant Breeding. hdl:11529/10854, CIMMYT Research Data and Software Repository Network, V1.
- Pesek, J. and Baker, R.J. 1970.** An application of index selection to the improvement of self pollinated species. *Canadian Journal of Plant Science*, 50, pp. 267-276. <https://doi.org/10.4141/cjps70-051>.
- Rabiei, B., Valizadeh, M., Ghareyazie, B. and Moghaddam, M. 2004.** Evaluation of selection indices for improving rice grain shape. *Field Crops Research*, 89, pp. 359-367. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2004.02.016>.
- Randhawa, H.S., Asif, M., Pozniak, C., Clarke, J.M., Graf, R.J., Fox, S.L., Humphreys, D.G., Knox, R.E., DePauw, R.M., Singh, A.K., Cuthbert, R.D., Hucl, P. and Spaner, D. 2013.** Application of molecular markers to wheat breeding in Canada. *Plant Breeding*, 132, pp. 458-471. <https://doi.org/10.1111/pbr.12057>.
- Robinson, H.F., Comstock, R.E. and Harvey, P.H. 1951.** Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. *Agronomy Journal*, 43, pp. 282-287. <https://doi.org/10.2134/agronj1951.00021962004300060007x>.
- Sabouri, H., Rabiei, B. and Fazlalipour, M. 2008.** Use of selection indices based on multivariate analysis for improving grain yield in rice. *Rice Science*, 15, pp. 303-310. [https://doi.org/10.1016/S1672-6308\(09\)60008-1](https://doi.org/10.1016/S1672-6308(09)60008-1).
- Shah, S., Mehta, D. R. and Raval, L. 2016.** Selection indices in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 7(2), pp. 459-463. <https://doi.org/10.5958/0975-928X.2016.00059.4>.
- Smiderle, É.C., Furtini, I.V., da Silva, C.S.C., Botelho, F.B.S., Resende, M.P.M., Botelho, R.T.C., Filho, J.M.C., de Castro, A.P. and Utumi, M.M. 2019.** Index selection for multiple traits in upland rice progenies. *Revista de Ciências Agrárias*, 42(1), pp. 4-12. <https://doi.org/10.19084/RCA18059>.
- Smith, H.F. 1936.** A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7, pp. 240-250. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>.
- Smith, O., Hallauer, A.R. and Russell, W.A. 1981.** Use of index selection in recurrent selection programs in maize. *Euphytica*, 30, pp. 611-618. <https://doi.org/10.1007/BF00038788>.



- Suwantaradon, K., Eberhart, S.A., Mock, J.J., Owens, J.C. and Guthrie, W.D. 1975.** Index selection for several agronomic traits in the BSSS2 maize population. *Crop Science*, 15(6), pp. 827-833. <https://doi.org/10.2135/cropsci1975.0011183X001500060025x>.
- Strefeler, M.S. and Wehner, T.C. 1986.** Estimates of heritabilities and genetic variances of three yield and five quality traits in three fresh-market cucumber populations. *The Journal of the American Society for Horticultural Science*, 111(4), pp. 599-605. <https://doi.org/10.21273/JASHS.111.4.599>.
- Tahmasbali, M., Darvishzadeh, R. and Fayaz Moghaddam, A. 2021.** Evaluation of oriental tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) genotypes using selection indices under the presence and absence of broomrape. *Iranian Journal of Field Crops Research*, 52(3), pp. 189-207. [In Persian]. <https://doi.org/10.22059/IJFCS.2020.300277.654707>.
- Zhang, W. and Smith, C. 1992.** Computer simulation of marker-assisted selection utilizing linkage disequilibrium. *Theoretical and Applied Genetics*, 83, pp. 813-820. <https://doi.org/10.1007/BF00226702>.
- Zhang, W. and Smith, C. 1993.** Simulation of marker-assisted selection utilizing linkage disequilibrium: The effects of several additional factors. *Theoretical and Applied Genetics*, 86, pp. 492-496. <https://doi.org/10.1007/BF00838565>.