



Association analysis using SSR markers for resistance to *Sclerotinia* basal stem rot disease in oily sunflower (*Helianthus annuus L.*) under filed conditions

ARTICLE INFO

Article Type

Original Research

Authors

Paknia R.¹ PhD,
Darvishzadeh R.^{*2} PhD,
Shahriari F.¹ PhD,
Malekzadeh S.¹ PhD

How to cite this article

Paknia R, Darvishzadeh R, Shahriari F, Malekzadeh S. Association analysis using SSR markers for resistance to *Sclerotinia* basal stem rot disease in oily sunflower (*Helianthus annuus L.*) under filed conditions. Modares Journal of Biotechnology. 2018;9(3):355-367.

¹Plant Biotechnology Department, Agriculture Faculty, Ferdowsi University of Mashhad, Mashhad, Iran
²Plant Breeding & Biotechnology Department, Agriculture Faculty, Urmia University, Urmia, Iran

*Correspondence

Address: Plant Breeding & Biotechnology Department, Agriculture Faculty, Urmia University, 11 Kilometer Sero Road, Daneshgah Boulevard, Urmia, Iran. Postal Code: 5756151818
Phone: +98 (44) 31942785
Fax: +98 (44) 32779558
r.darvishzadeh@urmia.ac.ir

Article History

Received: October 28, 2016
Accepted: September 16, 2017
ePublished: September 22, 2018

ABSTRACT

Aims Sunflower (*Helianthus annuus L.*) is mainly cultivated for the extraction of edible oil, and *Sclerotinia sclerotiorum* is a pathogen in sunflower fields. The aim of this study was to identify markers associated with resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* diseases in sunflower, using association analysis.

Materials & Methods In the present experimental research, a population including 100 lines of oily sunflower was cultivated. Traits such as contamination progress after 4, 8, and 12 days, 100 seeds weight of contaminated and non-contaminated plants, contaminated and non-contaminated plant yield, 100 seeds weight loss, and yield loss were studied. The molecular profiles of germplasm were prepared with 30 microsatellite primer pairs. Genetic structure analysis of population was performed based on Bayesian model.

Findings The highest coefficient of variation was related to the yield loss (86.41%) and weight loss (78.48%), and the lowest was contamination progression after 8 and 12 days (26.47% and 20.44%), respectively. Based on the mixed linear model (MLM), 6 microsatellite markers related to traits were identified at the level of $p \leq 0.01$. The highest number of markers was associated with contamination progression after 8 days. The P733, P807, and P1256 markers were simultaneously associated with 3 traits.

Conclusion Four lines including RHA274, H100A-83HR4, B45-03, and Iranian line with code 28 were identified with different genetic origins and high resistance levels. According to the general linear model (GLM) and MLM, 24 and 15 SSR markers are related to the traits, respectively. The P733, P807, and P1256 markers are simultaneously associated with 3 traits.

Keywords Sunflower; Molecular Markers; Linkage Disequilibrium

CITATION LINKS

[1] Hybridization and genome size evolution ... [2] Response to drought of some wild species ... [3] Sunflower seeds and their ... [4] Index of plant hosts of *Sclerotinia* ... [5] *Sclerotinia* and *Phomopsis* - two ... [6] *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary ... [7] Genetic variation for resistance to *Sclerotinia* ... [8] Resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* ... [9] *Sclerotinia* head rot of sunflower in ... [10] Relationship between *Phoma* black stem ... [11] QTL analysis in plants, where are ... [12] Lignans of sesame: Purification methods, biological activities and biosynthesis - a review [13] Molecular markers in Brassica ... [14] Trends in genetic and genome ... [15] Plant molecular diversity and ... [16] Improved heritability estimation ... [17] Association mapping: Critical considerations ... [18] Genome-wide association ... [19] Applications of single nucleotide ... [20] Status and prospects of association ... [21] Dwarf8 polymorphisms ... [22] Association mapping ... [23] Engineering pathogen ... [24] Simple sequence repeat ... [25] Microsatellite isolation ... [26] Genetic variability ... [27] A plant DNA minipreparation ... [28] Assessment of genomic ... [29] Genetic structure of human ... [30] Genetic diversity and ... [31] Detecting the number ... [32] TASSEL: Software for ... [33] Identification of sunflower ... [34] Collection, evaluation ... [35] Combining ability ... [36] Correlation and path ... [37] Association mapping ... [38] Patterns of nucleotide ... [39] Single nucleotide polymorphisms ... [40] Association mapping ... [41] Linkage disequilibrium and ... [42] Linkage ... [43] Linkage disequilibrium in humans ... [44] Patterns of DNA sequence ... [45] 'Green revolution' genes encode ... [46] Characterization of phenylpropanoid ... [47] Mapping QTL ... [48] Towards a saturated ... [49] Population structure ... [50] Screening sunflower ... [51] Identifying quantitative ... [52] Candidate gene ... [53] Defense against ... [54] Impairment of cellulose ... [55] QTL mapping of ... [56] Inheritance of *Sclerotinia* ... [57] Association of SSR ... [58] Qualitative trait loci ... [59] Association mapping ... [60] Genome-wide association ... [61] Association mapping for grain ... [62] Association mapping of six agronomic traits ...

تجزیه ارتباط برای مقاومت به بیماری پوسیدگی اسکروتینیایی یقه ساقه در آفتابگردان روغنی (*Helianthus annuus* L.) با استفاده از نشانگرهای ریزماهوره تحت شرایط مزرعه‌ای

رشید پاک‌نیا PhD

گروه بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

رضا درویش‌زاده* PhD

گروه اصلاح و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

فرح‌اله شهریار PhD

گروه بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

سعید ملک‌زاده PhD

گروه بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

چکیده

اهداف: آفتابگردان (*Helianthus annuus* L.) عمدتاً برای استحصال روغن خوراکی کشت می‌شود و قارچ اسکروتینیایی اسکروتیوروم (*Sclerotinia sclerotiorum*) یک عامل بیماری‌زا در مزارع آفتابگردان است. هدف پژوهش حاضر شناسایی نشانگرهای مولکولی (SSR) مرتبط با مناطق ژنومی دخیل در مقاومت به بیماری پوسیدگی اسکروتینیایی یقه ساقه در آفتابگردان روغنی با استفاده از تجزیه همراهی بود.

مواد و روش‌ها: در پژوهش تجربی حاضر ۱۰۰ لاین خالص آفتابگردان روغنی کشت داده شدند. درصد پیشرفت آلودگی قارچی بعد از ۸، ۱۲ و ۱۶ روز، وزن ۱۰۰ دانه گیاه آلوده‌نشده و آلوده‌شده، عملکرد گیاه آلوده‌نشده و آلوده‌شده، افت وزن ۱۰۰ دانه و افت عملکرد ارزیابی شدند. پروفایل مولکولی ژرم‌پلاسم مورد مطالعه با ۳۰ جفت آغازگر ریزماهوره تهیه شد. تجزیه ساختار ژنتیکی جمعیت با روش بیزین صورت گرفت.

یافته‌ها: بیشترین ضریب تغییرات به ترتیب مربوط به افت عملکرد (۸۶/۴۱٪) و افت وزن (۷۸/۴۸٪) و کمترین آن به ترتیب مربوط به درصد پیشرفت آلودگی بعد از ۸ و ۱۲ روز (۲۰/۴۴٪ و ۲۶/۴۷٪) بود. براساس مدل خطی مخلوط (MLM) ۶ نشانگر ریزماهوره مرتبط با صفات در سطح احتمال $p \leq 0.01$ شناسایی شدند. بیشترین تعداد نشانگر مرتبط با صفت درصد پیشرفت آلودگی بعد از ۸ روز بود. نشانگرهای P1256 و P807، P733 همزمان با سه صفت مرتبط بودند.

نتیجه‌گیری: چهار لاین RHA274، H100A-83HR4، B45-03 و لاین ایرانی با کد ۲۸ با منشا ژنتیکی متفاوت و سطوح بالای مقاومت شناسایی شدند. براساس مدل خطی عمومی (GLM) و مخلوط به ترتیب ۲۴ و ۱۵ نشانگر SSR با صفات مورد نظر ارتباط دارند. نشانگرهای P1256 و P807، P733 همزمان با سه صفت مرتبط هستند.

کلیدواژه‌ها: آفتابگردان، نشانگرهای مولکولی، عدم تعادل پیوستگی

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۰۸/۰۷

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۰۶/۲۵

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

مقدمه

آفتابگردان (*Helianthus annuus* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان دانه روغنی متعلق به خانواده آستراسه است. ارقام زراعی آفتابگردان دیپلوئید ($2n=2x=34$) و اندازه ژنومی آن در حدود ۳/۵ گیگابایت^[1] است و دو تیپ روغنی و آجیلی دارند. تیپ روغنی به دلیل درصد روغن بالا (۴۲ تا ۵۲٪) عمدتاً برای استحصال روغن کشت می‌شود. روغن آفتابگردان به دلیل داشتن مقدار زیادی

اسید چرب لینولئیک و فقدان کلسترول از مرغوبیت بالایی برخوردار است^[2]. در سال‌های اخیر کشت آفتابگردان به عنوان یک گیاه صنعتی رایج شده و روغن آن به طور فزاینده برای اهداف صنعتی نیز استفاده می‌شود. سطح زیرکشت این محصول دانه روغنی حدود ۲۵ میلیون هکتار با تولید سالیانه ۳۶ میلیون تن است^[3].

عوامل متعدد زنده و غیرزنده در کاهش عملکرد دانه آفتابگردان دخیل هستند. در میان قارچ‌های بیماری‌زای گیاهی، قارچ اسکروتینیایی (*Sclerotinia*) که یکی از پلی‌فاژترین بیماری‌زاهای است، بیشترین خسارت را به محصول آفتابگردان وارد می‌کند^[4]. این قارچ موجب ایجاد سه نوع بیماری مختلف در آفتابگردان (پوسیدگی یقه، پوسیدگی میانی ساقه و پوسیدگی طبق) می‌شود. حضور قارچ در اکثر مناطق مرسوم کشت آفتابگردان گزارش شده است^[5]. خسارت ناشی از این قارچ در ایالات متحده در حدود ۲۰۰ میلیون دلار برآورد شده^[6] و مقاومت آفتابگردان در مقابل قارچ عامل بیماری افقی یا پلی‌ژنیک است^[7, 8]. مقاومت ژنتیکی به پوسیدگی یقه ساقه (طوقه) از مقاومت به پوسیدگی ساقه متمایز است^[9]. استفاده از ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری‌های ناشی از اسکروتینیایی یکی از اقتصادی‌ترین روش‌های کنترل این آلودگی به شمار می‌رود^[10]. تولید و توسعه ارقام مقاوم منوط به وجود تغییرات ژنتیکی برای مقاومت به بیماری در ژرم‌پلاسم گیاه زراعی است. برای طراحی و اجرای یک برنامه به‌نژادی موثر و مفید، آگاهی از ساختار و نحوه کنترل ژنتیکی صفات ضروری است^[11].

صفات مهم اقتصادی عمدتاً به صورت کمی کنترل می‌شوند. در اصلاح نباتات مدرن می‌توان با استفاده از روش‌های ژنتیکی و آماری مناسب، نشانگرهای مولکولی مرتبط با صفات کمی را شناسایی کرد و در پروژه‌های به‌نژادی، گزینش افراد در جمعیت‌های در حال تفرق را با کمک نشانگرهای مولکولی انجام داد. نشانگرهای مولکولی به علت خنثی بودن و نداشتن آثار مستقیم بر صفت و نیز به دلیل عدم تأثیرپذیری از عوامل محیطی، ابزار مناسبی برای مکان‌یابی ژن‌های مختلف و گزینش غیرمستقیم برای صفات هدف هستند.

نشانگرهای ریزماهوره (SSR) از جمله نشانگرهای ژنتیکی هستند که به علت ویژگی‌های منحصر به فرد مورد استقبال فراوان پژوهشگران قرار گرفته‌اند^[12]. این نشانگرها به دلیل ماهیت هم‌باز و چندآلی، محتوای اطلاعات چندشکلی بالا، توزیع تصادفی در ژنوم و سهولت به‌کارگیری، ابزاری مناسب برای مطالعات تنوع ژنتیکی، تهیه نقشه‌های پیوستگی و نیز مکان‌یابی ژن‌ها محسوب می‌شوند^[13, 14]. به طور کلی روش‌های به‌کاررفته در شناسایی و مکان‌یابی جایگاه صفات کمی، به دو گروه اصلی نقشه‌یابی پیوستگی و نقشه‌یابی ارتباطی یا نقشه‌یابی عدم تعادل پیوستگی تقسیم می‌شوند. در تجزیه ارتباط (همراهی)، رابطه بین ژنوتیپ و فنوتیپ گیاه مستقیماً برای شناسایی نواحی کروموزومی دخیل در کنترل صفت با استفاده از نامتعادلی پیوستگی در جمعیت‌های طبیعی و کلکسیون‌های ژرم‌پلاسم بررسی می‌شود^[15]. نقشه‌یابی ارتباطی در مقایسه با نقشه‌یابی پیوستگی بهتر است زیرا منابع ژرم‌پلاسم موجود مانند کلکسیون‌های ژنتیکی و جمعیت‌های حاصل از برنامه‌های اصلاحی می‌توانند به طور مستقیم برای بررسی ارتباط نشانگر با صفت مورد استفاده قرار گیرند^[16-18]. در نقشه‌یابی ارتباطی، کل ژنوم با نشانگرها، برای شناسایی لوکوس‌های صفات کمی (QTL) مرتبط با فنوتیپ اختصاصی اسکن می‌شود^[19, 20]. اولین مطالعه نقشه‌یابی ارتباطی در خصوص شناسایی نشانگرهای

و ۲). به طور خلاصه از گیاهچه‌های ۱۵ روزه نمونه‌های برگ‌ی انتخاب و DNA ژنومی [27] استخراج شد. کیفیت و کمیت DNA استخراج شده به ترتیب با استفاده از الکتروفورز با ژل آگارز ۰/۸٪ و اسپکتروفتومتر ارزیابی شد. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرز (PCR) در حجم نهایی ۱۵ میکرولیتر شامل DNA پلی‌مرز تک (با غلظت نهایی ۰/۵ واحد) به میزان ۰/۱۶ میکرولیتر، بافر PCR (با غلظت ۱۰ برابر) به مقدار ۲ میکرولیتر، کلرید منیزیم (با غلظت ۵۰ میلی‌مولار) به میزان یک میکرولیتر، دئوکسی نوکلئوتید تری فسفات (dNTP؛ با غلظت ۱۰ میلی‌مولار) به مقدار ۰/۸ میکرولیتر، آغازگرهای رفت و برگشت (با غلظت ۱۰ میکرومولار) هر کدام به میزان ۰/۸ میکرولیتر، آب دیونیزه استریل به مقدار ۴/۴۴ میکرولیتر و DNA به میزان ۵ میکرولیتر با غلظت ۵ نانوگرم انجام شد. به منظور اختصاصی‌تر شدن اتصالات اولیه آغازگر- DNA الگو، PCR به صورت تاج‌داون (Touchdown) [28] در دستگاه ترموسایکلر Type 5331 (پندورف؛ آلمان) صورت پذیرفت. تفکیک محصولات تکثیری با استفاده از ژل آگارز ۳٪ و بافر تریس-بورات-EDTA (TBE) نیم‌برابر با ولتاژ ۸۰ ولت به مدت ۱/۵ تا ۲ ساعت انجام شد و رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید صورت گرفت. برای تعیین اندازه باندها از نشانگر O'GeneRuler (فرمنتاز؛ کانادا) استفاده شد.

باندهای حاصل به صورت هم‌باز، امتیازدهی و ماتریس حاصل برای بررسی ساختار جمعیت استفاده شد. ساختار جمعیت و دسته‌بندی دقیق ژنوتیپ‌ها به زیرجمعیت‌های مناسب و محاسبه ماتریس Q مبتنی بر روش بی‌زی در نرم‌افزار Structure 2.3.4 صورت گرفت [29]. این روش هر یک از ژنوتیپ‌ها را طوری به زیرجمعیت‌های فرضی منتسب می‌کند که در هر زیرجمعیت میزان عدم تعادل پیوستگی حداقل و تعادل مرحله گامتی حداکثر باشد. مقادیر اولیه K (زیرجمعیت فرضی اولیه) بین یک تا ۱۰ در نظر گرفته شد و به منظور افزایش دقت برای هر کدام از زیرجمعیت‌ها پنج تکرار صورت گرفت. برای انجام تجزیه از مدل مختلط و استقلال فراوانی آلل‌ها با ۱۰۰,۰۰۰ مرتبه "اجرا در زمان" (Burn in time) و ۱۰۰,۰۰۰ زنجیره مارکوف مونت کارلو (MCMC) استفاده شد. نرم‌افزار Structure 2.3.4 برای هر مقدار K (تعداد واقعی زیرجمعیت) یک ماتریس به نام Qst را محاسبه می‌کند که این ماتریس شامل برآورد ضرایب احتمال عضویت هر ژنوتیپ در یکی از زیرجمعیت‌ها است. در بارپلات حاصل، وقتی درصد عضویت یک ژنوتیپ به کلاستری بیشتر یا مساوی ۰/۷ باشد، ژنوتیپ به آن کلاستر نسبت داده می‌شود، ولی در صورتی که درصد عضویت آن کمتر از این مقدار باشد، به عنوان ژنوتیپ مختلط در نظر گرفته می‌شود [30]. تعداد واقعی زیرجمعیت (K)، با استفاده از دو روش برآورد شد: یکی براساس معیار انتخابی در نرم‌افزار یعنی $\ln P(D)$ که احتمال پسین داده‌ها را با در نظر گرفتن K فرضی محاسبه می‌کند [29] و دیگری براساس روش *اونو و همکاران* [31] که بر آماره ΔK استوار است و شیب تابع احتمالی $\ln P(D)$ را در نقطه‌ای می‌شکند که تعداد K فرضی در آن نقطه حداکثر احتمال را داشته باشند.

دو مدل برای شناسایی نشانگرهای پیوسته با صفات مورد مطالعه در نرم‌افزار TASSEL 2.1 استفاده شد: مدل خطی عمومی (GLM) وابسته به ماتریس Q (ماتریس ضرایب ساختار به عنوان کوواریانس) که هر دو اثر نشانگر و ساختار جمعیت ثابت در نظر گرفته می‌شوند و مدل خطی مخلوط (MLM) وابسته به ماتریس K+Q (ماتریس ضرایب ساختار جمعیت+ماتریس روابط خویشاوندی) که اثر

پیوسته با مناطق ژنومی دخیل در زمان گل‌دهی و ژن *dwarf8* (d8) در ذرت به کار رفته است [21]. اخیراً در یک مطالعه با نقشه‌یابی ارتباطی، مکان‌های ژنی کنترل‌کننده مقاومت به بیماری اسکروتینیا در آفتابگردان شناسایی شده‌اند. در این مطالعه با استفاده از مدل خطی مخلوط ژن کاندیدی شناسایی شد که ۲۰٪ تغییرات فنوتیپی صفت را توجیه می‌کند [22]. از آن جایی که بیش از ۸۰٪ نیاز داخلی روغن از واردات تامین و سالیانه در حدود ۱/۵ میلیارد دلار صرف واردات روغن و کنجاله می‌شود، بنابراین تحقیق پیرامون بهبود تولید آفتابگردان به عنوان یکی از مهم‌ترین محصولات دانه روغنی می‌تواند نقطه امید برای جبران کمبود روغن‌های گیاهی مورد نیاز باشد. از طرفی با توجه به افزایش رشد جمعیت، یکی از راهکارهای مهم تضمین پایداری غذا کاهش از دست رفتن آن توسط بیماری‌زها است [23].

هدف پژوهش حاضر شناسایی نشانگرهای مولکولی مرتبط با مناطق ژنومی دخیل در مقاومت به بیماری پوسیدگی اسکروتینیایی یقه ساقه در آفتابگردان روغنی با استفاده از تجزیه همراهی بود.

مواد و روش‌ها

پژوهش حاضر از نوع تجربی است.

مواد گیاهی و ارزیابی فنوتیپی: ۱۰۰ لاین خالص آفتابگردان روغنی که از نقاط مختلف جهان (فرانسه، ایالات متحده، مجارستان و ایران) تهیه شده بود (جدول ۱)، در قالب طرح لاتیس ساده ۱۰×۱۰ در مزرعه‌ای در روستای و قاصلوی سفلی از توابع شهرستان ارومیه در دو تکرار کشت داده شدند. هر تکرار به ۱۰ بلوک ناقص و هر بلوک به ۱۰ کرت زراعی تقسیم شد. هر کرت شامل ۲ ردیف، ۵ متر طول داشت. فاصله بین ردیف‌ها ۶۵ سانتی‌متر و بین بوته‌ها در ردیف، ۲۵ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. چهار روز قبل از کشت، مزرعه آبیاری شد و سپس در تاریخ ۱۳۹۴/۲/۱۰ کشت صورت گرفت. پس از سبز شدن گیاهچه‌ها در مرحله چهاربرگی تنک کردن به منظور نگه داشتن یک بوته در هر کپه انجام شد. مبارزه با علف‌های هرز به صورت مکانیکی و طبق نیاز صورت پذیرفت. پس از رسیدن گیاهان به مرحله هشت‌برگی، کود اوره به مقدار ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار به صورت سرک بین ردیف‌ها پخش و بلافاصله آبیاری انجام شد. در حین گل‌دهی، طبق‌ها برای جلوگیری از خسارت پرندگان با پاکت‌های سفیدرنگ پوشانده شدند. پنج بوته از هر ژنوتیپ در هر تکرار با جدایه قارچی جمع‌آوری شده از گیاهان آفتابگردان آلوده همان مزرعه در سال قبل تلقیح و پیشرفت سرعت آلودگی بعد از ۴، ۸ و ۱۲ روز یادداشت شد. همچنین بعد از برداشت طبق‌ها در مرحله رسیدگی فیزیولوژیک، وزن ۱۰۰ دانه در گیاهان آلوده شده و آلوده نشده، افت وزن ۱۰۰ دانه و افت عملکرد محاسبه شدند. درصد نکروز در ناحیه یقه ساقه ۴، ۸ و ۱۲ روز پس از مایه‌زنی با جدایه قارچ اسکروتینیا تعیین شد.

ارزیابی مولکولی: پروفایل مولکولی ژنوتیپ‌های آفتابگردان با ۳۰ جفت آغازگر SSR (جدول ۲) براساس توازن در پوشش مناسب ژنوم و وضوح باندهای چندشکل تولیدی از میان ۳۳۹ نشانگر SSR توسعه یافته در دانشگاه ارگون ایالات متحده [24] و ۱۸۰ نشانگر SSR توسعه یافته در موسسه ملی فناوری کشاورزی (INTA) آرژانتین *هلیانتوس آنوس* (HA) [25] انتخاب [24، 26] و در پژوهشکده زیست فناوری دانشگاه ارومیه تهیه شدند (نمودارهای ۱

جدول ۱) نام و منشأ لاین‌های آفتابگردان روغنی مورد مطالعه تحت شرایط آلودگی با قارچ عامل پوسیدگی یقه ساقه در مزرعه

ردیف	لاین	کشور	مرکز تحقیقاتی	ردیف	لاین	کشور	مرکز تحقیقاتی
۱	803-1	صربستان	IFVC	۴۷	H100A/LC1064	فرانسه	ASGROW
۲	HAR4	ایالات متحده	USDA	۴۸	H100A/90R78	فرانسه	ASGROW
۳	SDB1	ایالات متحده	USDA	۴۹	AS613	فرانسه	ASGROW
۴	SDR18	ایالات متحده	USDA	۵۰	H100A	فرانسه	ASGROW
۵	RHA274	ایالات متحده	USDA	۵۱	H209A/H566R	فرانسه	ASGROW
۶	SDB3	ایالات متحده	USDA	۵۲	H100A/83HR4	فرانسه	ASGROW
۷	HA335B	ایالات متحده	USDA	۵۳	H205A/H543R	فرانسه	ENSAT
۸	PM1-3	ایالات متحده	USDA	۵۴	H209A/LC1064	فرانسه	ENSAT
۹	SDR19	ایالات متحده	USDA	۵۵	AS5304	فرانسه	ENSAT
۱۰	HA337B	ایالات متحده	USDA	۵۶	LP-CSYB	فرانسه	ENSAT
۱۱	HA304	ایالات متحده	USDA	۵۷	ENSAT-283	فرانسه	ENSAT
۱۲	RHA858	ایالات متحده	USDA	۵۸	AS3211	فرانسه	ENSAT
۱۳	RHA266	ایالات متحده	USDA	۵۹	AS5306	فرانسه	ENSAT
۱۴	344	ایران	SPII	۶۰	ENSAT-254	فرانسه	ENSAT
۱۵	11×12	ایران	SPII	۶۱	ENSAT-270	فرانسه	ENSAT
۱۶	26	ایران	SPII	۶۲	1009329 2 (100K)	فرانسه	ENSAT
۱۷	38	ایران	SPII	۶۳	1009337 (100K)	فرانسه	ENSAT
۱۸	346	ایران	SPII	۶۴	100935 0(100K)	فرانسه	ENSAT
۱۹	260	ایران	SPII	۶۵	ENSAT-699	فرانسه	ENSAT
۲۰	262	ایران	SPII	۶۶	AS3232	فرانسه	ENSAT
۲۱	1059	ایران	SPII	۶۷	PAC2	فرانسه	ENSAT
۲۲	36	ایران	SPII	۶۸	1009370-1 (100K)	فرانسه	ENSAT
۲۳	30	ایران	SPII	۶۹	1009370 3(100K)	فرانسه	ENSAT
۲۴	28	ایران	SPII	۷۰	ENSAT-695	فرانسه	ENSAT
۲۵	5DES20QR	فرانسه	BRN	۷۱	AS6305	فرانسه	ENSAT
۲۶	7CR16 D PRH6	فرانسه	C.F	۷۲	AS0-1-POP-A	فرانسه	ENSAT
۲۷	110	فرانسه	ASGROW	۷۳	CAY	فرانسه	ENSAT
۲۸	LC1064C	فرانسه	ASGROW	۷۴	703-CHLORINA	فرانسه	ENSAT
۲۹	H158A×LC1064C	فرانسه	ASGROW	۷۵	NS-R5	فرانسه	NOVARTIS
۳۰	AS305	فرانسه	ASGROW	۷۶	NS-B5	فرانسه	NOVARTIS
۳۱	RHA265	فرانسه	ASGROW	۷۷	NSF1A4×R5	فرانسه	NOVARTIS
۳۲	H100B	فرانسه	ASGROW	۷۸	NSF1A5×R5	فرانسه	NOVARTIS
۳۳	SSD580	فرانسه	ASGROW	۷۹	AF1 POPA	فرانسه	NOVARTIS
۳۴	SSD581	فرانسه	ASGROW	۸۰	BF1 POPB	فرانسه	NOVARTIS
۳۵	5AS-F1/A2×R2	فرانسه	ASGROW	۸۱	TMB51	فرانسه	INRAMONT
۳۶	8ASB2	فرانسه	ASGROW	۸۲	QHP1	فرانسه	INRAMONT
۳۷	12ASB3	فرانسه	ASGROW	۸۳	D34	فرانسه	INRAMONT
۳۸	15031	فرانسه	ASGROW	۸۴	H603R	فرانسه	INRAMONT
۳۹	H158A/LC1064C	فرانسه	ASGROW	۸۵	PES	فرانسه	INRAMONT
۴۰	H543R/H543R	فرانسه	ASGROW	۸۶	SDB2	فرانسه	INRAMONT
۴۱	H156A/RHA274	فرانسه	ASGROW	۸۷	H049 C FSB	فرانسه	-
۴۲	H205A/83HR4	فرانسه	ASGROW	۸۸	F1250/03	مجارستان	-
۴۳	H158A/H543R	فرانسه	ASGROW	۸۹	B454/03	مجارستان	-
۴۴	H209A/83HR4	فرانسه	ASGROW	۹۰	RT931	فرانسه	RUSTICA
۴۵	H157A/LC1064	فرانسه	ASGROW	۹۱	RT948	فرانسه	RUSTICA
۴۶	H156A/H543R	فرانسه	ASGROW	۹۲	CSWW2X	فرانسه	Caussade semences
۴۷	H100A/H543R	فرانسه	ASGROW	۹۴	9CSAS	فرانسه	Caussade semences
۴۸	H100A/H543R	فرانسه	ASGROW	۹۶	SF082	فرانسه	ENSAT
۴۹	SF576	فرانسه	ENSAT	۹۸	SF023	فرانسه	ENSAT
۵۰	SF085	فرانسه	ENSAT	۱۰۰	SF105	فرانسه	ENSAT

نشانه‌های ریزماهوره	موتیف	توالی رفت (۵'-۳')	توالی برگشت (۵'-۳')
ORS785	(AG)17	CAAAATACCCAGGTCAAAGCA	CCTAGCTTATGGGACGTATGGA
ORS807	(AG)15	CCGATATTTTGACCGATATTTTGC	TCTCACCCCTTCATCTCCTTCC
ORS608	(AT)6(AG)11	CATGGAAGCCGAGTTCTCT	CGTGGCTGATTAACATACCC
ORS609	(AG)20	GCGAAGAACTGAAACCGATA	GGATTTAGTCCGCCAATCA
ORS1079	(CT)26	TACGACTGACGATTCCATTTCTC	AACTGGATTTACAGGGAGTGTT
ORS718	(CT)13	CACTTTACGCACACCAAACC	ATGCAACACCCGAATCAAAG
ORS1265	(CT)18	GGGTTTAGCAAATAATAGGCACA	ACCCTTGGAGTTTAGGGATCA
ORS949	(AC)13	TGCAAGGTATCCATATCCACAA	TATACGCACCGGAAAGAAAGTC
ORS378	(GT)17	GTGAAACCTTCGGACCTCTG	GTACAAAACCTTATAAATAAACAATA
ORS694	(AG)17	CCTGGAAGTGAACCGGAGAAC	GCCGTGAAACGAGAGAGGGA
ORS621	(CT)14	CGCCTTATGCTGAGAGGAAA	CCTGAAGCGAAGAAGAATCG
ORS488	(AC)14	CCCATTCACTCTGTTTCCA	CTCCGGTGAGGATTTGGATT
ORS728	(AG)7	CTCCATAGCAACCACCTGAAA	CCAAACTCTGAATGATACTTGTGAC
ORS844	(AC)17	ACGATGCAAAAGATATACTGCAC	CATGTTAATAGTTTAAATCTAGGG
ORS878	(AC)11	TGCAAGGTATCCATATCCACAA	TATACGCACCGGAAAGAAAGTC
ORS1179	(AG)18	GATTCGGAGCTTAGGAGGTAG	AAACGGGAAGCAAGAAATAGAACA
ORS1215	(CT)10	ATACTCTTCCACCCTCAAATCCA	GGTTGCGGTAGTGGTCTGTAGT
ORS822	(GT)8	CAATGCCATCTGTATCAGCTAC	AAACAAACCTTTGGACGAAACTC
ORS1256	(GT)8(AG)25	GATGTTGATGTTGGTGAAGTTGC	CTCCGTCACCTTAAGCACTTGTA
ORS1088	(CT)15	ACTATCGAACCTCCCTCCAAC	GGATTTCTTTCATCTTTGTGGTG
ORS617	(GA)17	GGTACTTGGTATTCATGGGTCAT	GACACCGCTCACTTAAACACTT
ORS1064	(CT)19	TGAATGATCTATGAGTGGTGATGG	ACTCGCAGTGGTAAGTCGTTAGG
ORS1209	(AG)12	AACAAGCAAGCAAATCAACCATA	AGAATTAACCCAACCCGGAAC
ORS1264	(AG)28	TAGAAGCGTTGGGTTGACAGTA	TGAAGTGGTGTATTCTCTAGCC
ORS1242	(CT)14	GCAATCGTTTCACTCTTCCATTC	TGGTCTGAGAATTGTCGGTCAT
ORS630	(CT9)15	TGTGCTGAGGATGATATGCAG	GCACGACCCGGATATGTAAC
ORS733	(AG)21	TATGAGTTGGCAAGGGCTTC	GGACTCCAACGAGAAATCAGT
ORS565	(AG)13	TGGTCAACGGATTTAGAGTCAA	TCCAGTTTGGTCTTGATTTGG
HA3040	-	GACCCGAACCACACT	GTTCTTGCTTCGATCC
HA3070	-	GGGATGAGCTCTGTC	CTTTTCAATCCCGCT

یافته‌ها

زیرساختار چهارم و ۱۱ لاین (۱۱/۷٪) متعلق به زیرساختار پنجم بودند. ۴۳ لاین (۴۳/۶٪) دارای سهم عضویت کمتر از ۰/۷٪ بودند، بنابراین به زیرجمعیت خاصی منتسب نشده و به‌عنوان مخلوط در نظر گرفته شدند.

نمودار گرافیکی عدم تعادل پیوستگی (LD) بر حسب R^2 ارتباط میان مکان‌های چندشکل را نشان داد. از مجموع ۴۳۵ جفت مکان مورد مقایسه، ۲/۲۹۸٪، R^2 بزرگ‌تر از ۰/۱ داشتند ($p \leq 0.01$; $R^2 \geq 0.1$; نمودار ۳).

جدول ۳) آماره‌های توصیفی برای صفات ارزیابی شده در لاین‌های خالص آفتابگردان روغنی تحت شرایط آلودگی با قارچ عامل پوسیدگی یقه ساقه در مزرعه

صفات	واحد	میانگین آماری	ضریب تغییرات (%)	حداقل	حداکثر	چولگی	کشدگی
PNA44D	%	۶۵/۴۳±۲/۱۵	۳/۱۸۱	۱۵/۰۰	۱۰۰/۰۰	-۰/۳۶	-۰/۳۴
PNA88D	%	۷۴/۵۴±۲/۰۳	۲۶/۴۷	۲۰/۰۰	۱۰۰/۰۰	-۰/۰۶	-۰/۰۷۱
PNA12D	%	۸۲/۲۹±۱/۷۳	۲۰/۴۴	۲۵/۰۰	۱۰۰/۰۰	۱/۱۲	-۱/۱۶
100SWNCP	گرم	۵/۷۸±۰/۲۰	۳۲/۹۸	۲/۱۰	۱۰/۷۵	۰/۲۷	۰/۱۶۴
100SWCP	گرم	۴/۸۶±۰/۱۸	۳۵/۲۶	۱/۵۵	۹/۸۵	-۰/۱۲	۰/۲۸
100SWL	%	۲۴/۹۵±۲/۲۳	۷۲/۵۱	۱/۴۲	۷۳/۷۱	-۰/۷۰	۰/۵۹
YPNCP	گرم	۳۸/۲۲±۲/۰۰	۴۹/۷۰	۸/۳۰	۱۱۳/۱	۲/۲۷	۱/۱۹
YPCP	گرم	۲۹/۵۴±۱/۶۳	۵۳/۱۰	۲/۷۵	۶۶/۱۴	-۰/۴۷	۰/۴۰
YPS	%	۲۹/۹۱±۲/۸۳	۷۸/۴۸	۰/۰۰	۸۹/۹۱	-۰/۳۹	۰/۶۹

PNA44D، PNA88D، PNA12D: پیشرفت آلودگی به ترتیب بعد از ۴، ۸ و ۱۲ روز؛ 100SWNCP و 100SWCP: به ترتیب وزن ۱۰۰ دانه آلوده نشده و ۱۰۰ دانه آلوده شده؛ YPCP و YPNCP: عملکرد دانه به ترتیب در بوته آلوده نشده و بوته آلوده شده؛ 100SWL: افت وزن ۱۰۰ دانه؛ YPS: افت عملکرد دانه

بیشترین ضریب تغییرات به ترتیب مربوط به اُفت عملکرد (۸۶/۴۱٪) و اُفت وزن ۱۰۰ دانه (۷۸/۴۸٪) و کمترین به ترتیب مربوط به درصد پیشرفت آلودگی بعد از ۸ و ۱۲ روز (۲۶/۴۷٪ و ۲۰/۴۴٪) بود. بالابودن ضریب تغییرات برای بیشتر صفات، تنوع قابل ملاحظه بین ژنوتیپ‌ها را نشان داد (جدول ۳).

لاین‌های مختلف واکنش متفاوتی در مقابل بیماری نشان دادند، اما به‌طور کلی تمام لاین‌ها در برابر بیماری آسیب‌پذیر بودند (جدول ۴). لاین‌های B454/03، IRANI-28، NSF1-A4×R5 و ENSAT-254 به ترتیب با کمترین میزان پیشرفت آلودگی (۲۱/۶۷، ۲۵/۰۰، ۳۶/۱۴، ۳۶/۷۵) در برابر جدایه عامل بیماری، مقاومت نشان دادند. در مقابل لاین‌های TMB-51، AS3232، RHA274، 12ASB3 و NS-R5 با ۱۰۰٪ آلودگی حساسیت کاملی به بیماری نشان دادند.

همبستگی مثبت و معنی‌داری ($r = 0.754 < 0.05$) بین صفات مربوط به درصد پیشرفت آلودگی در زمان‌های مختلف مشاهده شد (جدول ۵). بین هر سه صفت مربوط به درصد پیشرفت بیماری با سایر صفات همبستگی منفی، اما غیرمعنی‌داری وجود داشت، به‌طوری که با افزایش آلودگی، وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد کاهش پیدا کرد. بیشترین همبستگی مثبت بین وزن دانه در گیاهان آلوده شده با عملکرد دانه در بوته آلوده شده ($r = 0.684$)، و همچنین بین اُفت عملکرد با اُفت عملکرد ۱۰۰ دانه ($r = 0.647$) مشاهده شد.

آغازگرهای SSR در کل ۶۷ مکان ژنومی را تکثیر کردند. در ژرم پلاسم مورد مطالعه پنج زیرجمعیت شناسایی شد (نمودار ۱). براساس نتایج بارپلات (نمودار ۲)، ۱۲ لاین (۱۲/۶٪) متعلق به زیرساختار اول، ۱۱ لاین (۱۱/۷٪) متعلق به زیرساختار دوم، ۷ لاین (۷/۴۵٪) متعلق به زیرساختار سوم، ۱۲ لاین (۱۲/۶٪) متعلق به

جدول ۴) میانگین صفات ارزشیابی شده در لاین‌های خالص آفتابگردان روغنی تحت شرایط آلودگی با قارچ عامل پوسیدگی یقه ساقه در مزرعه david

نام ژنوتیپ	PNA4D	PNA8D	PNA12D	100SWNCP	100SWCP	YPNCP	YPCP	100SWL	YPS
HA335B	۷۳/۷۵±۰/۱۰	۷۸/۰۰±۰/۳۹	۸۷/۰۰±۰/۳۵	۵/۲۵±۰/۳۷	۴/۲۵±۰/۵۱	۴۷/۰۰±۰/۸۸	۳۸/۰۰±۰/۳۳	۱۹/۰۰±۰/۳۷	۱۷/۰۰±۰/۲۷
ENSAT-695	۷۵/۰۰±۰/۴۳	۷۵/۰۰±۰/۴۳	۹۵/۰۰±۰/۸۸	۸/۰۰±۰/۶۰	۵/۶۳±۰/۷۵	۷۲/۴۳±۰/۶۵	۴۷/۹۲±۰/۵۶	۲۹/۳۴±۰/۴۶	۳۳/۷۹±۰/۴۵
SSD-580	۴۶/۰۰±۰/۶۱	۵۵/۰۰±۰/۲۸	۸۷/۲۵±۰/۰۳	۷/۵۵±۰/۱۶	۳/۹۳±۰/۱۰	۵۴/۵۰±۰/۹۰	۲۳/۷۴±۰/۵۶	۴۵/۰۰±۰/۵۵	۲۲/۷۹±۰/۸۶
803-1	۲۰/۰۰±۰/۸۳	۵۰/۰۰±۰/۲۰	۵۰/۰۰±۰/۱۶	۷/۹۰±۰/۳۳	۶/۰۰±۰/۲۵	۱۷/۶۰±۰/۸۰	۱۵/۳۳±۰/۱۱	۱۳/۰۰±۰/۱۷	۷/۶۳±۰/۳۸
H158A/H543R	۹۱/۰۰±۰/۹۱	۹۲/۰۰±۰/۶۲	۹۲/۰۰±۰/۶۲	۳/۷۲±۰/۲۵	۳/۷۲±۰/۲۵	۳/۳۵±۰/۲۰	۱۳/۳۳±۰/۴۸	۱۱/۸۴±۰/۴۴	۳۱/۰۰±۰/۵۰
IRANI344	۶۷/۰۰±۰/۷۶	۶۹/۳۷±۰/۷۵	۸۷/۷۵±۰/۳۵	۴/۸۰±۰/۴۴	۵/۳۸±۰/۳۵	۲۷/۵۰±۰/۳۰	۳۰/۷۵±۰/۰۳	۱۲/۵۰±۰/۱۸	۲۷/۲۷±۰/۴۶
H209A/LC1064	۵۷/۶۷±۰/۵۸	۶۴/۰۰±۰/۰۸	۷۷/۳۳±۰/۹۶	۱۰/۰۵±۰/۹۹	۹/۸۵±۰/۳۸	۹/۸۵±۰/۳۸	۵۲/۰۰±۰/۴۵	۸/۴۶±۰/۳۱	۱۷/۰۰±۰/۴۶
HA304	۶۰/۰۰±۰/۶۵	۹۷/۵۰±۰/۴۴	۶۲/۵۰±۰/۵۲	۸/۳۸±۰/۱۹	۷/۷۳±۰/۱۰	۴/۰۰±۰/۳۱	۴/۰۰±۰/۳۱	۸/۴۷±۰/۸۹	۲/۵۰±۰/۱۸
B454/03	۲۶/۲۵±۰/۱۶	۳۶/۸۷±۰/۰۲	۴۶/۲۵±۰/۳۳	۵/۲۳±۰/۳۶	۴/۲۳±۰/۳۶	۴/۱۵±۰/۰۴	۴/۱۷±۰/۱۹	۲۲/۲۲±۰/۰۲	۱۶/۱۷±۰/۲۴
LP-CSYB	۹۵/۰۰±۰/۱۷	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۸۸	۸/۴۰±۰/۲۰	۸/۴۰±۰/۲۰	۷/۸۵±۰/۸۶	۱۹/۰۰±۰/۸۵	۶/۵۵±۰/۲۵	۱۲/۲۸±۰/۲۸
RHA858	۸۸/۰۰±۰/۷۰	۹۵/۰۰±۰/۳۳	۶۶/۶۶±۰/۷۵	۶/۹۵±۰/۱۵	۴/۰۳±۰/۱۶	۲/۱±۰/۷۶	۲/۱۵±۰/۷۸	۳۴/۵۳±۰/۸۷	۵/۹۵±۰/۶۷
AS3232	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۲/۶۰±۰/۰۳	۲/۵۰±۰/۲۹	۱۲/۳۸±۰/۶۶	۱۳/۱۷±۰/۵۸	۰/۷۸±۰/۰۶	-
H543R/H534R	۶۶/۸۵±۰/۵۸	۷۷/۵۰±۰/۱۳	۸۱/۲۵±۰/۰۴	۶/۳۸±۰/۲۶	۵/۹۸±۰/۳۴	۵/۹۸±۰/۳۴	۲۹/۰۰±۰/۸۸	۸/۱۵±۰/۳۱	۱۷/۰۰±۰/۵۲
F1250/03	۶۶/۴۶±۰/۰۹	۷۳/۷۵±۰/۷۵	۸۰/۴۱±۰/۹۲	۶/۱۳±۰/۱۸	۵/۵۵±۰/۳۹	۵/۵۵±۰/۳۹	۳۵/۱۷±۰/۳۹	۹/۱۰±۰/۳۳	۱۸/۶۳±۰/۳۳
H100B	۵۳/۷۵±۰/۴۰	۷۵/۳۷±۰/۷۵	۸۱/۸۷±۰/۳۰	۶/۹۵±۰/۲۶	۶/۹۵±۰/۲۶	۶/۷۳±۰/۱۷	۳۸/۸۴±۰/۸۰	۳/۳۲±۰/۲۵	۲۳/۶۴±۰/۳۳
AS6305	۷۵/۵۰±۰/۴۱	۷۶/۵۰±۰/۴۲	۷۹/۰۰±۰/۵۳	۱۰/۶۵±۰/۱۸	۱۰/۶۵±۰/۱۸	۶/۴۰±۰/۳۰	۱۱۳/۴±۰/۸۵	۵۹/۰۰±۰/۷۶	۷/۲۰±۰/۲۳
H250A/83HR4	۷۷/۸۳±۰/۷۸	۵۰/۸۷±۰/۰۰	۹۰/۸۳±۰/۸۳	۲۰/۲۲±۰/۳۰	۷/۴±۰/۱۴	۳۷/۳۳±۰/۳۲	۵۹/۳۳±۰/۷۶	-	-
IRANI30	۶۳/۰۰±۰/۴۶	۷۶/۵۰±۰/۲۲	۸۵/۰۰±۰/۴۴	۷/۵۸±۰/۷۹	۳/۶۵±۰/۹۸	۳/۶۵±۰/۹۸	۴۹/۲۵±۰/۴۶	۴/۸/۷۰±۰/۸۵	۳۳/۲۲±۰/۰۲
TMB-51	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۸/۳۵±۰/۸۳	۵/۷۰±۰/۰۰	۵/۰۰±۰/۸۵	۴/۰۰±۰/۰۰	۳/۱/۷۴±۰/۰۰	۲/۰۰±۰/۰۰
AS0-1-POP-A	۶۸/۳۳±۰/۷۷	۸۰/۰۰±۰/۰۴	۸۴/۵۸±۰/۵۹	۵/۹±۰/۲۶	۴/۱۰±۰/۸۶	۳۹/۵۰±۰/۷۸	۲۳/۵۰±۰/۳۶	۲۵/۵۲±۰/۲۰	۲/۱۵±۰/۲۰
RT948	۹۴/۰۰±۰/۹۸	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۳/۹±۰/۱۲	۳/۴±۰/۰۴	۳/۴±۰/۰۴	۳/۴±۰/۰۴	۲/۰/۳۳±۰/۲۶	۵/۲/۸۸±۰/۱۳
5AS-F1/A2*R2	۸۸/۳۳±۰/۷۵	۹۸/۳۳±۰/۴۸	۹۸/۳۳±۰/۴۸	۶/۶۵±۰/۰۷	۳/۴±۰/۰۴	۳/۳۹±۰/۰۸	۱۹/۷۵±۰/۸۸	۴/۸/۸۷±۰/۲۴	۴/۱/۷۴±۰/۵۵
A-F1 POPA	۵۰/۰۰±۰/۴۵	۹۰/۰۰±۰/۰۰	۹۰/۰۰±۰/۰۰	۷/۰±۰/۲۰	۷/۰±۰/۲۰	۶/۹۵±۰/۵۸	۵۹/۰۰±۰/۸۲	۱/۴۲±۰/۱۶	۴/۲/۳۷±۰/۰۲
H205A/H543	۶۰/۰۰±۰/۲۶	۷۰/۲۵±۰/۱۲	۷۹/۱۲±۰/۴۰	۴/۸۵±۰/۳۵	۴/۸۵±۰/۳۵	۴/۸۴±۰/۳۳	۳۵/۳۷±۰/۱۹	۸/۶۵±۰/۷۲	۳/۷۸±۰/۵۲
CAY	۶۱/۰۰±۰/۰۰	۶۸/۳۳±۰/۰۰	۷۵/۰۰±۰/۰۰	۴/۰±۰/۲۸	۴/۰±۰/۲۸	۲/۶۵±۰/۲۰	۲۸/۳۳±۰/۳۴	۲۵/۵۰±۰/۵۴	۱/۰۰±۰/۴۸
1009370-1 (100K)	۶۳/۰۰±۰/۰۵	۷۹/۳۷±۰/۴۶	۸۱/۱۲±۰/۱۲	۵/۱۰±۰/۱۲	۴/۰±۰/۶۰	۴/۰±۰/۵۱	۲۱/۶۷±۰/۲۳	۲۰/۷۵±۰/۴۶	۴۹/۶۴±۰/۵۹
1009370-3(100K)	۹۴/۰۰±۰/۴۵	۹۵/۰۰±۰/۸۵	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۶/۲۳±۰/۱۶	۵/۹۸±۰/۳۴	۴/۲۳±۰/۱۶	۴۳/۷۵±۰/۵۲	۳/۰۸±۰/۸۵	۱۴/۸۲±۰/۱۲
HA337B	۶۱/۰۰±۰/۲۱	۷۰/۴۱±۰/۲۷	۸۵/۳۳±۰/۲۵	۵/۴±۰/۲۰	۴/۶۵±۰/۲۲	۵/۴±۰/۲۲	۵۲/۵۰±۰/۷۷	-	۱۲/۰۰±۰/۸۸
SDB1	۷۴/۳۷±۰/۹۱	۸۲/۵۰±۰/۲۲	۱۰۰/۰۰±۰/۰۲	۵/۱۵±۰/۴۱	۴/۸۵±۰/۳۶	۴/۸۵±۰/۳۶	۲۸/۶۷±۰/۸۰	-	۱۳/۱۰±۰/۰۸
12ASB3	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۳/۶۳±۰/۲۳	۳/۷۵±۰/۱۰	۳/۷۵±۰/۱۰	۲۷/۵۰±۰/۰۴	-	-
ENSAT-270	۸۴/۰۰±۰/۶۵	۸۹/۰۰±۰/۱۷	۹۴/۰۰±۰/۶۵	۴/۴۵±۰/۲۴	۲/۶۳±۰/۶۲	۲/۶۳±۰/۶۲	۲/۰۰±۰/۶۲	۳/۷/۰۸±۰/۳۷	۷۲/۵۰±۰/۳۶
H209A/83HR4	۸۰/۰۰±۰/۷۷	۹۰/۰۰±۰/۹۱	۹۱/۶۷±۰/۷۳	۶/۰۷±۰/۸۵	۷/۲۸±۰/۵۱	۷/۲۸±۰/۵۱	۲۳/۰۴±۰/۸۴	-	-
15031	۶۱/۸۷±۰/۲۰	۶۶/۲۵±۰/۲۰	۶۶/۲۵±۰/۲۰	۳/۵±۰/۶۰	۳/۶۰±۰/۸۶	۳/۶۰±۰/۸۶	۱۳/۳۰±۰/۵۱	-	-
H100A/LC1064	۶۲/۰۰±۰/۰۰	۷۸/۸۳±۰/۰۳	۹۰/۳۳±۰/۷۵	۶/۲۵±۰/۵۲	۵/۴۸±۰/۳۰	۵/۴۸±۰/۳۰	۶/۰۰±۰/۲۲	۱۲/۷±۰/۵۸	۱۴/۰۳±۰/۰۵
RHA266	۶۲/۲۹±۰/۹۱	۶۲/۲۹±۰/۹۱	۹۰/۰۰±۰/۰۰	-	۲/۹۳±۰/۱۰	۲/۹۳±۰/۱۰	-	۶/۵۹±۰/۴۸	-
RHA274	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۴/۹۵±۰/۶۵	۳/۹۵±۰/۰۷	۳/۹۵±۰/۰۷	۳۰/۰۰±۰/۳۲	۱۶/۹۷±۰/۱۶	۳/۰۰±۰/۴۰
ENSAT-283	۸۴/۰۰±۰/۵۶	۸۸/۰۰±۰/۹۸	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۵/۲۵±۰/۴۸	۵/۰±۰/۲۳	۵/۰±۰/۲۳	۳۰/۰۰±۰/۳۴	۴/۱/۷±۰/۸۶	۲۴/۱۷±۰/۵۴
100935 0 (100K)	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۴/۵۳±۰/۸۹	۴/۵۳±۰/۸۹	۴/۵۳±۰/۸۸	۲۳/۹۱±۰/۸۸	-	۹/۸۸±۰/۲۶
703-CHLORINA	۵۱/۶۶±۰/۶۱	۵۵/۰۰±۰/۹۱	۹۰/۰۰±۰/۲۰	۶/۷±۰/۳۸	۵/۲۳±۰/۱۵	۵/۲۳±۰/۱۵	۴۵/۵۰±۰/۴۵	۲۲/۳۸±۰/۴۷	۲۶/۱۲±۰/۴۴
IRANI346	۵۶/۲۵±۰/۳۰	۷۰/۰۰±۰/۷۵	۹۵/۰۰±۰/۸۵	۷/۵۸±۰/۰۱	۴/۱۵±۰/۲۹	۴/۱۵±۰/۲۹	۸۷/۰۰±۰/۶۲	۳۹/۸۸±۰/۶۶	۵۲/۱۵±۰/۶۸
PAC2	۸۴/۰۰±۰/۳۹	۹۱/۰۰±۰/۳۱	۹۶/۰۰±۰/۶۶	۴/۸۷±۰/۰۲	۴/۸۷±۰/۰۲	۴/۸۷±۰/۰۲	۴۴/۷۵±۰/۴۶	۴/۰۸±۰/۰۹	۱۱/۲۶±۰/۸۹
7CR16-PRH6	۵۶/۶۷±۰/۵۶	۵۶/۶۷±۰/۴۵	۶۶/۶۷±۰/۸۹	۳/۸۰±۰/۸۶	۳/۸۰±۰/۸۶	۳/۸۰±۰/۸۶	۸/۹۰±۰/۳۴	۴/۸۰±۰/۱۲	۴۶/۰۰±۰/۶۵
1009329 2 (100K)	۸۴/۰۰±۰/۳۴	۸۴/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۴/۳۰±۰/۶۲	۴/۱۵±۰/۱۰	۴/۱۵±۰/۱۰	۳۲/۰۰±۰/۲۵	۳/۴۹±۰/۲۳	۹/۷۲±۰/۴۸
IRANI110	۴۷/۰۰±۰/۵۰	۵۵/۳۷±۰/۰۲	۵۷/۰۰±۰/۳۰	۵/۱۳±۰/۴۲	۵/۱۳±۰/۴۲	۵/۱۳±۰/۴۲	۲۸/۱۵±۰/۳۷	۵۰/۸۱±۰/۷۸	۴۸/۹۲±۰/۲۷
H100A-83HR4	۶۱/۵۰±۰/۰۴	۶۲/۵۰±۰/۶۰	۶۸/۳۳±۰/۲۰	۵/۴۵±۰/۲۴	۵/۷۰±۰/۶۳	۵/۷۰±۰/۶۳	۵۳/۵۰±۰/۳۱	-	۱/۶۰±۰/۵۸
AS5306	۶۹/۱۶±۰/۵۸	۷۱/۸۳±۰/۸۴	۹۳/۱۶±۰/۳۱	۶/۴±۰/۳۷	۷/۶۳±۰/۴۹	۷/۶۳±۰/۴۹	۵۴/۲۷±۰/۴۶	-	-
H158A-LC 1064C	۷۰/۰۰±۰/۳۶	۹۳/۰۰±۰/۵۲	۹۳/۰۰±۰/۶۲	۳/۹۵±۰/۱۳	۷/۳۰±۰/۹۵	۷/۳۰±۰/۹۵	۲۰/۲۹±۰/۰۲	-	-
HAR4	۳۶/۲۵±۰/۳۰	۴۶/۲۵±۰/۴۵	۸۲/۵۰±۰/۹۰	۶/۷±۰/۰۵	۵/۰۸±۰/۸۶	۵/۰۸±۰/۸۶	۲۷/۲۵±۰/۷۵	۲۶/۴۶±۰/۳۳	۱۱/۸۴±۰/۷۱
H209A-H566R	۶۲/۵۰±۰/۴۰	۸۰/۷۵±۰/۹۹	۹۳/۰۰±۰/۵۸	۴/۵۸±۰/۲۸	۲/۲۳±۰/۶۴	۲/۲۳±۰/۶۴	۴۷/۰۰±۰/۴۶	۴۸/۸۸±۰/۲۳	۱۷/۱۷±۰/۵۹
H100A-90R78	۴۰/۵۰±۰/۵۱	۴۰/۵۰±۰/۳۱	۴۹/۰۰±۰/۵۸	۴/۸±۰/۲۸	۶/۳۳±۰/۲۴	۶/۳۳±۰/۲۴	۳۶/۶۷±۰/۴۸	۲۱/۲۱±۰/۸۷	۲۱/۲۱±۰/۸۷
H603R	۷۱/۲۵±۰/۱۴	۸۳/۷۵±۰/۰۴	۸۵/۰۰±۰/۷۰	۵/۱۵±۰/۲۳	۴/۱۵±۰/۳۳	۴/۱۵±۰/۳۳	۳۲/۵۰±۰/۱۸	۱۰/۸۹±۰/۳۱	۲۹/۱۰±۰/۴۴
SDR18	۶۲/۰۰±۰/۶۸	۶۲/۰۰±۰/۴۸	۷۰/۰۰±۰/۰۲	۷/۸۵±۰/۲۰	-	-	۸۹/۰۰±۰/۵۶	-	-
SSD-581	۹۵/۰۰±۰/۷۵	۹۵/۰۰±۰/۳۲	۹۵/۰۰±۰/۶۰	-	۴/۸۵±۰/۰۴	۴/۸۵±۰/۰۴	-	۴/۶۷±۰/۴۶	-
AS3211	۳۸/۳۳±۰/۴۳	۴۳/۳۳±۰/۸۹	۴۳/۳۳±۰/۴۲	-	۱/۵۵±۰/۵۵	۱/۵۵±۰/۵۵	-	۵/۰۰±۰/۶۴	-

ادامه جدول ۴) میانگین صفات ارزیابی شده در لاین‌های خالص آفتابگردان روغنی تحت شرایط آلودگی با قارچ عامل پوسیدگی یقه ساقه در مزرعه david

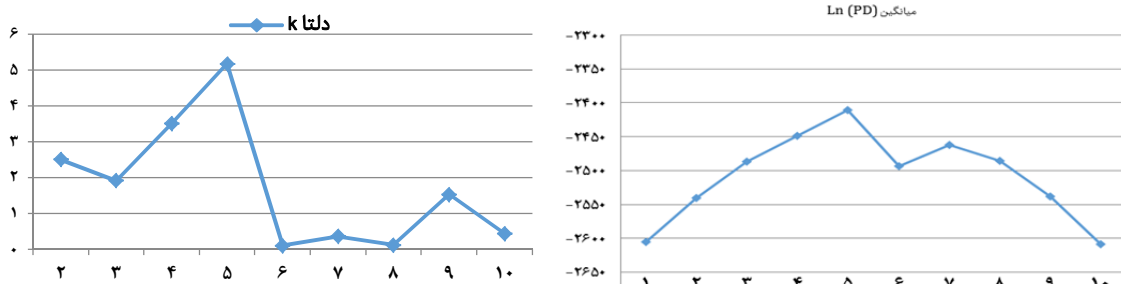
نام ژنوتیپ	PNA44D	PNA48D	PNA12D	100SWNCP	100SWCP	YPNCP	YPCP	100SWL	YPS
SDR19	۸۰/۳۳±۵/۵۲	۹۸/۰۰±۲/۸۱	۹۹/۰۰±۱/۶۵	۷/۶۰±۱/۰۱	۷/۸۰±۱/۲۴	۷۰/۷۵±۴/۰۴	۶۶/۱۴±۳/۸۷	۹/۹۸±۹/۸	۶/۸۹±۸/۹
RT931	۲۶/۸۷±۲/۸۵	۷۱/۲۵±۲/۲۸	۷۸/۷۵±۲/۰۸	۲/۳۰±۰/۳۷	۴/۲۸±۰/۲۰	۲۰/۰۰±۰/۰۰	۱۷/۵۰±۵/۰	۱۰/۸۷±۳/۴۴	۲۵/۰۰±۳/۴۵
SDB3	۶۶/۸۳±۵/۱۴	۷۳/۳۳±۴/۰۴	۷۹/۳۳±۴/۱۵	۹/۳۰±۱/۶۵	۴/۹۸±۰/۳۷	۲۳/۵۰±۱/۶۵	۴۷/۸۰±۳/۲۳	۶۰/۲۲±۱/۳۳	۴۲/۱۳±۱/۴۵
D34	۷۵/۸۳±۵/۳۴	۷۸/۳۳±۴/۱۹	۷۶/۶۶±۳/۱۸	۶/۱۰±۰/۸۵	۶/۹۰±۱/۲۰	۳۱/۱۸±۲/۲۱	۳۲/۷۵±۴/۰۴	-	-
IRANI260	۷۳/۲۹±۳/۲۵	۷۵/۴۱±۳/۳۰	۸۳/۷۵±۳/۴۵	۶/۴۳±۰/۳۰	۵/۹۵±۰/۳۳	۴/۹۰±۰/۵۷	۳/۶۸±۰/۶۱	۲۱/۱۹±۳/۷۵	۳/۱۶±۰/۳۳
PM1-3	۵۷/۰۰±۲/۵۱	۶۵/۵۸±۰/۳۳	۷۲/۶۶±۰/۸۱	۵/۵۵±۰/۱۶	۴/۸۵±۰/۱۲	۲/۶۹±۳/۸۹	۲/۶۰±۱/۱۵	۱۱/۷۸±۲/۳۱	۲/۸۴±۰/۵۴
SDB2	۴۰/۰۰±۰/۴۷	۵۴/۱۶±۳/۴۶	۷۳/۳۳±۲/۳۰	۵/۵۰±۰/۲۷	۵/۷۵±۰/۱۲	۴/۹۰±۰/۵۷	۴/۹۰±۰/۵۷	-	-
CSWW2X	۸۰/۰۰±۵/۸۹	۸۶/۶۶±۳/۸۵	۹۳/۳۳±۳/۷۸	۳/۷۵±۰/۶۴	۲/۲۵±۰/۴۰	۱۷/۵۰±۱/۶۵	۹/۵۰±۱/۳۸	۴۵/۷۸±۳/۴۶	۳۶/۶۷±۳/۹۵
NS-R5	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۱۰۰/۰۰±۰/۰۰	۵/۲۳±۰/۱۴	۵/۲۳±۰/۱۴	۱۹/۴۲±۱/۴۷	۷/۵۰±۱/۸۷	۲۹/۳۳±۳/۹۱	۲۱/۰۵±۰/۸۸
IRANI38	۶۰/۰۰±۵/۱۰	۷۵/۰۰±۴/۴۵	۷۷/۵۰±۳/۲۳	۴/۷۵±۰/۳۵	۴/۷۵±۰/۳۵	-	-	۱۸/۴۶±۲/۵۹	۴۰/۳۶±۳/۱۷
PES	۵۰/۰۰±۲/۵۰	۶۰/۰۰±۲/۰۰	۶۱/۶۷±۴/۵۴	۵/۱۳±۰/۶۰	۳/۹۰±۰/۱۴	۵/۱۳±۰/۶۰	۵/۱۳±۰/۶۰	-	-
H156A/RHA274	۹۰/۰۰±۵/۱۳	۹۱/۶۶±۲/۷۷	۹۱/۶۶±۲/۷۷	۶/۳۰±۱/۳۰	۲/۷۰±۰/۷۸	۴/۰۶±۳/۸۹	۶/۴۰±۱/۶۸	-	-
H100A/LC1064	۵۵/۰۰±۲/۸۸	۶۱/۷۵±۰/۸۸	۶۶/۸۳±۰/۸۸	۵/۹۰±۰/۲۷	۴/۸۰±۰/۲۹	۴/۸۰±۰/۲۹	۴/۸۰±۰/۲۹	۲/۵۴±۰/۳۵	۲۸/۵۷±۲/۷۲
NS-B5	۷۸/۱۲±۵/۲۰	۸۳/۷۵±۳/۶۰	۸۶/۸۷±۰/۰۰	۴/۵۰±۰/۳۵	۳/۸۵±۰/۲۳	۲۲/۷۵±۰/۱۴	۱۳/۸۴±۱/۷۴	۱۲/۱۸±۱/۰۴	۳۶/۴۲±۳/۰۴
RHA265	۸۹/۷۹±۲/۰۲	۹۳/۷۵±۰/۰۰	۹۳/۷۵±۰/۰۰	۵/۲۵±۰/۹۸	۴/۷۰±۰/۲۹	۵/۰۰±۱/۸۱	۴/۹۰±۳/۴۵	۱۰/۴۸±۲/۳۴	۱/۳۳±۰/۴۵
IRANI262	۳۴/۵۰±۱/۶۵	۵۰/۰۰±۲/۲۰	۶۹/۵۰±۲/۹۹	۴/۹۵±۰/۲۰	۸/۵۰±۰/۷۱	۴/۹۰±۱/۶۷	۴/۹۰±۱/۶۷	-	-
AS5304	۲۶/۶۷±۵/۳۳	۴۶/۶۷±۴/۳۴	۴۶/۶۷±۴/۳۴	۶/۷۵±۰/۰۳	۶/۷۵±۰/۰۳	۵/۲۵±۰/۷۵	۳/۰۹±۲/۰۶	۱۹/۲۱±۱/۹۰	۷/۰۵±۱/۶۳
5DES20QR	۹۰/۴۱±۳/۷۱	۹۱/۶۶±۴/۴۳	۹۱/۶۶±۴/۴۳	۷/۸۵±۰/۴۱	۵/۱۵±۰/۴۹	۳/۰۶±۳/۲۸	۳/۰۶±۳/۲۸	۲۱/۶۶±۲/۶۰	۳۶/۴۱±۳/۶۰
LC1064C	۶۲/۵۰±۳/۰۱	۶۲/۵۰±۳/۰۱	۶۲/۵۰±۳/۰۱	۵/۶۸±۰/۲۴	۴/۳۸±۰/۲۱	۴/۳۸±۰/۲۱	۴/۳۸±۰/۲۱	۲۳/۴۵±۰/۱۸	۲۰/۰۷±۳/۱۷
AS613	۳۱/۵۰±۵/۲	۴۷/۰۰±۰/۷۲	۴۷/۰۰±۰/۷۲	۴/۱۰±۰/۵۱	۶/۲۰±۰/۹۱	۲/۲۰±۰/۹۱	۲/۲۰±۰/۹۱	-	-
H100A	۷۶/۰۰±۱/۲۰	۸۲/۰۰±۱/۸۳	۸۲/۰۰±۱/۸۳	۱/۰۵±۱/۰۱	۱/۰۵±۱/۰۱	۴/۵۸±۰/۴۷	۲/۰۸±۲/۲۱	۴۲/۳۸±۲/۵۷	۲۹/۲۵±۲/۸۹
QHP1	۵۰/۰۰±۳/۶۶	۶۱/۰۰±۴/۲۱	۶۱/۰۰±۴/۲۱	۵/۶۵±۰/۱۲	۴/۸۰±۰/۱۴	۳/۸۰±۰/۱۴	۳/۷۵±۰/۴۷	۲۵/۶۶±۱/۱۷	۱/۱۵±۰/۶۷
8ASB2	۶۱/۲۵±۵/۰۴	۸۰/۰۰±۲/۸۸	۸۱/۲۵±۳/۷۵	۳/۹۸±۰/۴۵	۲/۷۰±۰/۴۱	۲/۱۵±۱/۹۶	۱۹/۰۰±۲/۳۸	۱۵/۶۳±۱/۰۴	۵/۰۰±۰/۴۸
BF1POP-B	۳۸/۳۳±۰/۵۸	۴۳/۳۳±۰/۵۸	۴۳/۳۳±۰/۵۸	۴/۵۸±۰/۲۴	۵/۵۸±۰/۲۴	۴/۵۸±۰/۲۴	۳/۶۷±۰/۸۰	۱۲/۹۰±۱/۶۱	۴۵/۷۹±۱/۰۸
H049+FSB	۶۵/۰۰±۳/۹۶	۷۶/۲۵±۲/۲۱	۷۶/۲۵±۲/۲۱	-	۷/۶۴±۰/۴۵	-	۲۵/۲۵±۳/۶۶	-	-
AS305	۶۶/۶۷±۱/۴۵	۶۶/۶۷±۱/۴۵	۶۶/۶۷±۱/۴۵	۴/۵۵±۰/۴۰	۴/۵۵±۰/۴۰	۱۳/۵۰±۱/۳۳	۱۳/۵۰±۱/۳۳	۱/۲۳±۰/۳۳	۶/۱۷±۲/۰۳
NS-F1-A5*R5	۸۰/۰۰±۳/۶۶	۸۰/۰۰±۳/۶۶	۸۰/۰۰±۳/۶۶	۴/۱۰±۰/۵۱	۲/۱۰±۰/۲۰	۱/۷۰±۰/۸	۸/۸۰±۰/۱۵	۱۹/۰۵±۰/۲۸	۹/۰۹±۰/۳۸
ENSAT-254	۳۶/۷۵±۵/۲۳	۳۶/۷۵±۵/۲۹	۳۶/۷۵±۵/۲۹	۲/۴۵±۰/۰۳	۲/۴۵±۰/۰۳	۲/۳۸±۰/۶۲	۲/۳۸±۰/۶۲	۲/۴۵±۰/۴۱	۱۳/۳۱±۱/۷۵
NSF1-A4*R5	۱۵/۰۰±۵/۴۰	۲۵/۰۰±۲/۴۱	۲۵/۰۰±۲/۴۱	۵/۷۵±۰/۲۳	۵/۷۵±۰/۲۳	۴/۸۵±۱/۳۲	۴/۸۵±۱/۳۲	-	-
11*12 IRANI	۶۲/۵۰±۵/۸۸	۶۲/۵۰±۴/۸۳	۶۲/۵۰±۴/۸۳	۱/۰۷۵±۰/۳۵	۱/۰۷۵±۰/۳۵	۶/۲۵±۰/۴۵	۶/۲۵±۰/۴۵	۷/۴۴±۰/۳۳	۳/۹۲±۱/۲۰
1059 IRANI	۴۲/۰۰±۲/۰۰	۵۶/۰۰±۲/۰۰	۵۶/۰۰±۲/۰۰	۹/۷۰±۰/۱۰	۹/۷۰±۰/۱۰	۲/۵۵±۰/۴۶	۲/۵۵±۰/۴۶	۴/۸۷±۰/۵۷	۲۲/۸۲±۰/۱۱
H158A-H543R	۴۰/۰۰±۱/۶۷	۴۰/۰۰±۱/۶۷	۴۰/۰۰±۱/۶۷	۴/۱۰±۰/۵۱	۴/۱۰±۰/۵۱	۴/۱۰±۰/۵۱	۴/۱۰±۰/۵۱	-	-
ENSAT 699	۷۰/۰۰±۲/۸۹	۸۲/۰۰±۳/۸۵	۸۲/۰۰±۳/۸۵	۸/۸۰±۲/۵۷	۸/۸۰±۲/۵۷	۸/۴۰±۱/۳۹	۸/۴۰±۱/۳۹	۵/۸۴±۲/۴۴	-
9CSA3	۵۷/۵۰±۰/۷۶	۷۰/۰۰±۳/۳۳	۷۰/۰۰±۳/۳۳	۳/۸۵±۰/۷۵	۳/۸۵±۰/۷۵	۱/۷۰±۱/۹۱	۱/۷۰±۱/۹۱	۴۵/۱۶±۲/۵۰	۲۳/۵۹±۳/۸۳
H158A/LC1064C	۶۰/۰۰±۵/۴۶	۶۶/۶۷±۳/۳۴	۶۶/۶۷±۳/۳۴	۳/۱۰±۰/۳۶	۳/۱۰±۰/۳۶	۵/۳۵±۱/۸۸	۵/۳۵±۱/۸۸	۶/۴۵±۰/۵۸	۳۷/۸۹±۱/۱۵
IRANI26	۷۷/۵۰±۳/۳۵	۸۵/۰۰±۲/۸۸	۸۵/۰۰±۲/۸۸	۳/۹۳±۰/۸۸	۳/۹۳±۰/۸۸	۴/۹۲±۲/۰۲	۴/۹۲±۲/۰۲	۱۷/۳۵±۰/۵۰	۲۱/۵۰±۲/۶۰
SF-105	۵۸/۷۵±۴/۵۶	۷۰/۰۰±۳/۶۸	۷۳/۷۵±۳/۴۵	-	۴/۷۵±۰/۹۸	-	۲/۹۰±۲/۴۶	-	-
SF085	۵۶/۶۶±۶/۰۶	۶۰/۰۰±۳/۴۰	۶۰/۰۰±۳/۴۰	۵/۲۳±۰/۱۸	۵/۲۳±۰/۱۸	۴/۳۵±۰/۱۱	۴/۳۵±۰/۱۱	۱۳/۶۵±۲/۷۲	۱۱/۰۵±۲/۴۵
SF082	۶۰/۰۰±۴/۸۲	۶۰/۰۰±۲/۸۸	۶۰/۰۰±۲/۸۸	۴/۲۰±۰/۳۰	۴/۲۰±۰/۳۰	۳/۳۰±۰/۱۲	۳/۳۰±۰/۱۲	۲۱/۴۳±۰/۹۶	۹/۱۰±۲/۵۵
SF576	۳۰/۰۰±۲/۱۶	۳۰/۰۰±۲/۱۶	۳۰/۰۰±۲/۱۶	۷/۵۵±۰/۳۶	۷/۵۵±۰/۳۶	۵/۰۰±۰/۳۰	۵/۰۰±۰/۳۰	۳۱/۰۷±۲/۰۲	۱۸/۳۲±۳/۲۴
SF023	۹۵/۰۰±۲/۰۷	۱۰۰/۰۰±۰/۸۸	۱۰۰/۰۰±۰/۸۸	۶/۲۳±۰/۲۳	۶/۲۳±۰/۲۳	۵/۴۰±۰/۰۵	۲/۹۰±۰/۱۶	۱۳/۲۵±۱/۰۰	۲۵/۵۲±۲/۰۰

PNA12D, PNA48D, PNA44D: پیشرفت آلودگی به ترتیب بعد از ۴، ۸ و ۱۲ روز؛ 100SWNCP و 100SWCP: به ترتیب وزن ۱۰۰ دانه آلوده نشده و ۱۰۰ دانه آلوده شده؛ YPCP و YPNCP: عملکرد دانه به ترتیب در بوته آلوده نشده و بوته آلوده شده؛ 100SWL: افت وزن ۱۰۰ دانه؛ YPS: افت عملکرد دانه

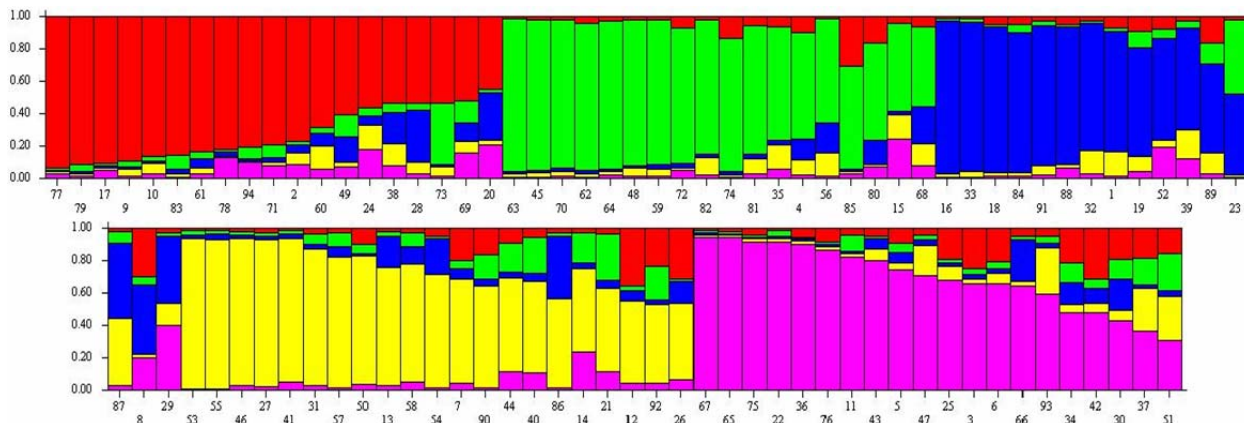
جدول ۵) ضرایب همبستگی صفات در جمعیت لاین‌های خالص آفتابگردان تحت شرایط آلودگی با قارچ عامل پوسیدگی یقه ساقه در مزرعه

صفات	PNA44D	PNA48D	PNA12D	100SWNCP	100SWCP	YPNCP	YPCP	100SWL
PNA48D	۰/۸۲۸**							
PNA12D	۰/۷۸۱**	۰/۷۵۴**						
100SWNCP	۰/۰۶۱	۰/۰۴۶	۰/۰۴۶					
100SWCP	۰/۰۸۹	۰/۰۲۴*	۰/۰۲۲	۰/۴۸۷**				
YPNCP	۰/۰۵۱	۰/۰۰۹	۰/۰۰۹	۰/۵۹۹**	۰/۳۶۰**			
YPCP	۰/۰۰۳	۰/۰۱۱	۰/۰۲۸	۰/۳۱۳	۰/۶۸۴**	۰/۵۸۷**		
100SWL	۰/۰۳۷	۰/۰۷۸	۰/۰۰۴	۰/۲۷۲	۰/۴۹۲	۰/۰۸۸	۰/۳۶۸*	
YPS	۰/۰۰۳	۰/۰۲۳	۰/۰۳۱	۰/۲۰۸	۰/۳۷۴*	۰/۱۸۱	۰/۴۹۱**	۰/۶۴۷**

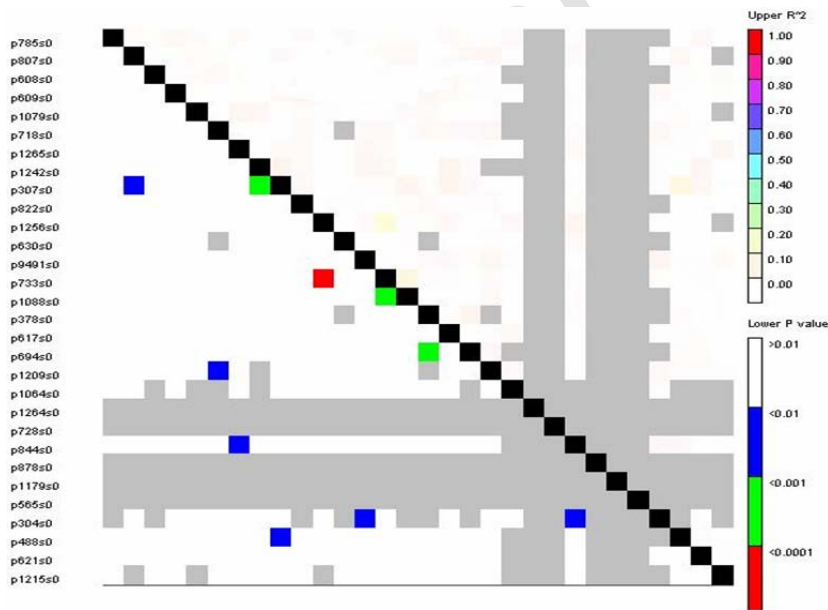
* و ** اختلاف معنی‌دار به ترتیب در سطوح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱؛ PNA44D, PNA48D, PNA12D: پیشرفت آلودگی به ترتیب بعد از ۴، ۸ و ۱۲ روز؛ 100SWNCP و 100SWCP: به ترتیب وزن ۱۰۰ دانه آلوده نشده و ۱۰۰ دانه آلوده شده؛ YPCP و YPNCP: عملکرد دانه به ترتیب در بوته آلوده نشده و بوته آلوده شده؛ 100SWL: افت وزن ۱۰۰ دانه؛ YPS: افت عملکرد دانه



نمودار ۱) نمودارهای دوطرفه برای تعیین زیرجمعیت در ژرم‌پلاسم آفتابگردان روغنی مورد مطالعه (K=5) براساس نشانگرهای ریزماهواره



نمودار ۲) تجزیه کلاستر مبتنی بر مدل بیزی ۱۰۰ لاین آفتابگردان روغنی مورد مطالعه براساس ۶۷ مکان ژنی حاصل از نشانگرهای ریزماهواره (K=5); هر رنگ یک زیرجمعیت یا کلاستر را نشان می‌دهد؛ اعداد روی محور افقی و عمودی به ترتیب شماره افراد و ضریب تعلق هر فرد به کلاستر را نشان می‌دهد.



نمودار ۳) پلات عدم تعادل پیوستگی (LD Plot) بخش فوقانی قطر نمایانگر میزان عدم تعادل پیوستگی و قسمت پایین آماره p-value برای جفت نشانگرهای SSR را نشان می‌دهد

نشان دادند. مقدار R^2 (درصد تغییرات فنوتیپی توجیه‌شده) در محدوده ۹۲ (P304) تا ۱۲% (P1079 و P8077) متغیر بود (جدول ۶).

براساس مدل MLM ۱۵ نشانگر SSR در سطح احتمال ۰/۰۱ و ۰/۰۵، ارتباط معنی‌داری با ۹ صفت مورد مطالعه نشان دادند. به تفکیک برای صفت درصد پیشرفت آلودگی بعد از ۴، ۸، ۱۲ روز به ترتیب ۱، ۴ و ۲ نشانگر، برای صفت وزن ۱۰۰ دانه گیاه آلوده‌نشده و شده به ترتیب ۲ و ۲ نشانگر، برای صفت عملکرد دانه در بوته گیاه آلوده‌شده و نشده به ترتیب ۲ و صفر نشانگر و در ارتباط با صفات

براساس مدل GLM در مجموع ۲۴ نشانگر SSR ارتباط معنی‌داری با ۹ صفت مورد مطالعه داشتند. به تفکیک برای صفت درصد پیشرفت آلودگی بعد از ۴، ۸، ۱۲ روز به ترتیب ۱، ۷ و ۱ نشانگر، برای صفت وزن ۱۰۰ دانه گیاه آلوده‌نشده و شده به ترتیب ۳ و ۳ نشانگر، برای صفت عملکرد دانه در بوته آلوده‌نشده و شده به ترتیب ۳ و صفر نشانگر و در خصوص صفات افت وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد دانه به ترتیب ۱ و ۵ نشانگر شناسایی شد. در این مدل دو نشانگر P733 و P807 با سه صفت درصد پیشرفت بیماری بعد از ۸ روز، وزن ۱۰۰ دانه گیاه آلوده‌نشده و افت عملکرد دانه ارتباط معنی‌داری

مناطق ژنومی دخیل در مقاومت به بیماری پوسیدگی اسکروتینیایی یقه ساقه در آفتابگردان روغنی با استفاده از تجزیه همراهی بود.

پارامتر ضریب تغییرات یکی از مهم‌ترین و بارزترین شاخص‌های برآورد تنوع در جمعیت‌ها است. چون این معیار تحت تاثیر واحد اندازه‌گیری صفت یا دامنه تغییرات آن قرار نمی‌گیرد، بنابراین نسبت به دیگر معیارهای تنوع از اهمیت بیشتری برخوردار است. طبق نتایج مطالعه حاضر بیشترین ضریب تغییرات به ترتیب مربوط به افت عملکرد و افت وزن ۱۰۰ دانه و کمترین آن به ترتیب مربوط به درصد پیشرفت آلودگی بعد از ۸ و ۱۲ روز بود. بالا بودن ضریب تغییرات برای بیشتر صفات نشان‌دهنده وجود تنوع قابل ملاحظه بین ژنوتیپ‌ها است. وجود تنوع ژنتیکی وسیع در ژرم‌پلاسم آفتابگردان روغنی و آجیلی توسط پژوهشگران مختلف نیز گزارش شده است [33-35]. ارزیابی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی پیش‌نیاز برنامه‌های اصلاح نبات و حفاظت از ذخایر توارثی است [36].

وجود تنوع ژنتیکی در مواد گیاهی مورد مطالعه می‌تواند اصلاح‌گر را در کشف روابط بین صفات یاری کند و کارایی انتخاب را بالا برد. اطلاع از ویژگی‌های ژنوتیپ‌ها، شباهت‌ها و تفاوت‌های آنها در طراحی برنامه‌های تلاقی مفید خواهد بود. در پژوهش حاضر درصد نکرود در ناحیه یقه ساقه ۴، ۸ و ۱۲ روز پس از مابزه‌زنی با جدایه قارچ اسکروتینیا تعیین شد. نتایج پژوهش حاضر نشان داد که لاین‌های مختلف واکنش متفاوتی در مقابل بیماری نشان دادند، اما به‌طور کلی تمام لاین‌ها در برابر بیماری آسیب‌پذیر بودند.

طبق نتایج پژوهش حاضر، همبستگی مثبت و معنی‌داری بین صفات مربوط به درصد پیشرفت آلودگی در زمان‌های مختلف مشاهده شد. بین هر سه صفت مربوط به درصد پیشرفت بیماری با سایر صفات همبستگی منفی، اما غیرمعنی‌داری وجود داشت. شناخت روابط بین صفات و برهم‌کنش آنها حداقل از دو جنبه برای اصلاح‌گران اهمیت دارد، اول برای اصلاح غیرمستقیم عملکرد و دوم اینکه اصلاح‌گر در می‌یابد که با اصلاح یک صفت، صفات دیگر چگونه تغییر خواهند یافت. بنابراین در برنامه‌ریزی برای گزینش توجه به همبستگی صفات اهمیت اساسی دارد.

در پژوهش حاضر پروفایل مولکولی ژرم‌پلاسم مورد مطالعه با استفاده از ۳۰ جفت آغازگر SSR تهیه شد. این آغازگرها در کل ۶۷ مکان ژنومی را تکثیر کردند. تجزیه موثر ساختار جمعیت و دسته‌بندی دقیق افراد به زیرجمعیت‌های مناسب براساس نشانگرهای SSR انجام شد. در ژرم‌پلاسم مورد مطالعه ۵ زیرجمعیت شناسایی شد. در مطالعات تجزیه ارتباط در حالت ایده‌آل نباید ساختاری در جمعیت مورد مطالعه وجود داشته باشد، یعنی جمعیت نباید از نظر ساختاری به زیرگروه‌هایی تقسیم شود، زیرا وجود ساختار در جمعیت مورد مطالعه می‌تواند عامل بازدارنده در جهت دستیابی به نتایج قابل اعتماد باشد و در صورتی که اثر عوامل ساختار جمعیت و همچنین روابط خویشاوندی در نظر گرفته نشوند، نتایج کاذب مثبت به وجود خواهد آمد [37].

در پژوهش حاضر از مجموع ۴۳۵ جفت مکان مورد مقایسه، ۲۲۹۸٪ جفت R^2 بزرگ‌تر از ۰/۱ داشتند. مطالعات پیشین نشان داده است در جمعیت‌های وحشی آفتابگردان بلوک LD در حدود ۲۰۰ جفت‌باز ($R^2=0/1$) و در ارقام تجاری باز کرده‌افشان حدود ۱۰۰ جفت‌باز کاهش یافته است [38]. البته در اینبرد لاین‌های آفتابگردان یک کاهش تدریجی LD در حدود ۵۰۰ کیلوباز ($R^2=0/۳۲$) نیز گزارش شده است [39]. تناقض در گزارش‌های

افت وزن ۱۰۰ دانه و عملکرد دانه به ترتیب ۱ و ۲ نشانگر شناسایی شد. برای صفت عملکرد دانه در بوته آلوده‌شده هیچ نشانگری شناسایی نشد. در این مدل نشانگرهای P1256، P617 و P694 هر کدام به ترتیب با دو صفت (درصد پیشرفت آلودگی بعد از هشت روز و وزن ۱۰۰ دانه گیاه آلوده‌نشده، درصد پیشرفت آلودگی و افت عملکرد دانه، وزن ۱۰۰ دانه گیاه آلوده‌شده و عملکرد دانه در بوته گیاه آلوده‌نشده) ارتباط معنی‌داری نشان دادند. چهار لاین RHA274، H100A-83HR4، B45-03 و لاین ایرانی با کد ۲۸ با منشا ژنتیکی متفاوت و سطوح بالای مقاومت شناسایی شدند. کلیه نشانگرهای شناسایی‌شده با مدل GLM به‌جز نشانگر P9491 با مدل MLM نیز شناسایی شدند. مدل GLM در قیاس با MLM نشانگرهای معنی‌دار بیشتری را شناسایی کرد.

جدول ۶) نشانگرهای پیوسته با صفات ارزیابی‌شده در لاین‌های آفتابگردان روغنی مورد مطالعه براساس مدل‌های GLM و MLM در شرایط مزرعه‌ای

نشانگر SSR	مدل GLM		مدل MLM	
	معنی‌داری سطح	ضریب R^2	مقدار F	سطح معنی‌داری
صفت PNA44D				
P617	۰/۰۱۹	۰/۱۵	۴/۴۱	۰/۰۱۵
صفت PNA88D				
P304	۰/۰۰۱	۰/۹۲	۸۲/۰۰	۰/۰۰۱
P807	۰/۰۳۰	۰/۱۵	۴/۴۱	۰/۰۳۸
P1209	۰/۰۴۱	۰/۲۳	۵/۵۳	۰/۰۰۶
P1064	۰/۰۰۱	۰/۳۰	۷/۲۱	۰/۰۰۹
P1256	۰/۰۰۲	۰/۱۷		
P733	۰/۰۰۶	۰/۲۷		
P617	۰/۰۰۹	۰/۱۹		
صفت PNA12D				
P630	۰/۰۱۲	۰/۱۲	۳/۸۰	۰/۰۲۷
صفت 100SWNCP				
P733	۰/۰۲۲	۰/۲۳	۳/۱۳	۰/۰۴۹
P807	۰/۰۴۵	۰/۱۲	۵/۱۰	۰/۰۰۸
P1265	۰/۰۰۳	۰/۱۸		
صفت YPNCP				
P694	۰/۰۱۸	۰/۱۴	۴/۰۶	۰/۰۲۱
P1215	۰/۰۲۲	۰/۱۴	۳/۱۴	۰/۰۳۵
P1079	۰/۰۴۴	۰/۱۲		
صفت 100SWCP				
P844	۰/۰۲۲	۰/۱۸	۳/۴۹	۰/۰۳۵
P621	۰/۰۳۶	۰/۱۵	۳/۱۴	۰/۰۴۹
P694	۰/۰۰۱	۰/۲۳		
صفت 100SWL				
P1079	۰/۰۲۸	۰/۲۶	۳/۲۱	۰/۰۴۸
صفت YPS				
P1209	۰/۰۱۳	۰/۲۷	۲/۱۹	۰/۰۴۴
P807	۰/۰۱۹	۰/۱۷	۳/۲۳	۰/۰۴۵
P733	۰/۰۲۳	۰/۲۷		
P1256	۰/۰۴۱	۰/۱۴		
P1064	۰/۰۰۱	۰/۲۵		

PNA44D، PNA88D، PNA12D: پیشرفت آلودگی به ترتیب بعد از ۴، ۸ و ۱۲ روز؛ 100SWNCP و 100SWCP: به ترتیب وزن ۱۰۰ دانه آلوده‌نشده و ۱۰۰ دانه آلوده‌شده؛ YPNCP و YPCP: عملکرد دانه به ترتیب در بوته آلوده‌نشده و بوته آلوده‌شده؛ 100SWL: افت وزن ۱۰۰ دانه؛ YPS: افت عملکرد دانه

بحث

هدف پژوهش حاضر، شناسایی نشانگرهای مولکولی مرتبط با

به طوری که به جای ارزیابی صفات، گزینش غیرمستقیم به کمک نشانگرهای پیوسته صورت می‌گیرد. در مطالعه‌ای مقایسه کارایی نشانگرهای مختلف برای آنالیز ژنتیک جمعیت در آفتابگردان زراعی صورت گرفت و نتایج نشان داد که هم‌خوانی خوبی بین تعیین فواصل ژنتیکی میان ژنوتیپ‌ها براساس نشانگرهای SSR با تعیین آن توسط نشانگرهای SNP (پلی‌مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی) وجود دارد به طوری که ضریب همبستگی بین داده‌های خروجی دو نشانگر SSR و SNP، ۰/۶۰ بود^[49]. در این مطالعه اطلاعاتی در ارتباط با سطوح تنوع و ساختار جمعیت در ژرم‌پلاسم آفتابگردان به دست آمد که برای برنامه اصلاحی این گیاه زراعی بسیار مهم است^[49].

در ارزیابی مزرعه‌ای لاین‌های اینبرد و هیبرید آفتابگردان در برابر بیماری پوسیدگی ناشی از *اسکلروتینیا اسکروتیوروم* (S. sclerotiorum) طی سه سال متوالی اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها برای مقاومت به بیماری مشاهده شد^[50]. در مطالعه‌ای لوکوس‌های کمی مقاومت به بیماری پوسیدگی اسکروتینیبایی طبق، در دو ژرم‌پلاسم آفتابگردان آمریکایی شناسایی شد^[51]. در این مطالعه هر کدام از پنج QTL شناسایی‌شده در حدود ۱۲/۹% واریانس ژنتیکی را توجیه کردند^[51]. در تحقیقی با نقشه‌یابی ژن‌های کاندید دخیل در مقاومت به بیماری پوسیدگی ساقه ناشی از *اسکلروتینیا اسکروتیوروم* مشخص شد که هر دو ژن *HaCoil-1* و *HaCoil-2* در آفتابگردان با ژن *Coil* آرابیدوپسیس *تالیانا* (*Arabidopsis thaliana*) به ترتیب اورتولوگ و پارالوگ هستند. این دو ژن روی گروه پیوستگی شماره ۱۴ و در حد فاصل ۷ تا ۵۰/۹ سانتی‌مورگان قرار گرفته‌اند^[24]. هر دو ژن کاندید *HaCoil-1* و *HaCoil-2* ارتباط بسیار قوی با مقاومت به پوسیدگی ساقه داشته و در حدود ۷/۴% تغییرات فنوتیپی در جمعیت را توجیه می‌کنند. نشانگرهای فوق می‌توانند به‌طور بالقوه برای انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب به کار گرفته شوند. البته انتخاب ژن‌های کاندید برای نقشه‌یابی ارتباطی یکی از چالش‌های اصلی محققین است به‌ویژه زمانی که اطلاعات کمی در ارتباط با مکانیزم مولکولی صفت مورد نظر وجود دارد^[52]. بررسی عملکرد مسیرهای دفاعی در گونه‌های مدل (مانند آرابیدوپسیس *تالیانا*) یک منبع بالقوه از ژن‌های کاندید برای مطالعه مقاومت به بیماری در آفتابگردان و سایر گیاهان را فراهم می‌کند^[24, 53, 54]. در مطالعه‌ای مکان‌های صفات کمی دخیل در مقاومت به پوسیدگی ساقه و دو صفت مورفولوژیک شناسایی شدند. در کل ۳۵۱ خانواده F₃ از تلاقی بین یک لاین اینبرد مقاوم از خزانه ژنی NDBLOS و لاین حساس CM265 تحت شرایط آلودگی مصنوعی در مزرعه طی دو فصل زراعی مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای سه صفت مقاومت (پوسیدگی برگ، پوسیدگی ساقه و سرعت رشد قارچ) و دو صفت مورفولوژیک، واریانس ژنتیپی معنی‌دار مشاهده شد و همبستگی بین صفات مربوط به مقاومت بالا بود. در این مطالعه QTL‌هایی برای هر سه صفت مقاومت شناسایی شد اما هر کدام از QTL‌ها اثرات کوچکی داشتند^[55]. در مطالعه‌ای دیگر ژنتیک مقاومت به پوسیدگی اسکروتینیبایی ساقه در جمعیت حاصل از تلاقی بین دو لاین (NDBLOS_{set} × K04) بررسی شد و نتایج نشان داد که مقاومت به اسکروتینیبایی کمی و مناطق ژنومی مختلفی در این فرآیند دخیل هستند. در این مطالعه دو مکان کمی برای مقاومت به پوسیدگی ساقه شناسایی شد که یکی از آنها اثر بزرگی داشت^[56]. در تحقیقی مقاومت به پوسیدگی طبق در ۱۲۳ خانواده F_{2:3} و F_{2:4} حاصل

مختلف احتمالاً ناشی از اندازه جمعیت مورد مطالعه است. سطوح معنی‌دار عدم تعادل پیوستگی در ژرم‌پلاسم آفتابگردان محققین را ترغیب می‌نماید تا اینکه از جمعیت‌های طبیعی برای مطالعات ژنومیکس استفاده نمایند. در مطالعات نقشه‌یابی/تجزیه ارتباطی علاوه بر ترکیب ساختار جمعیت، گستره عدم تعادل پیوستگی در ژنوم نیز از اهمیت اساسی برخوردار است^[40]. الگوی عدم تعادل پیوستگی میان گونه‌ها در موفقیت نقشه‌یابی/تجزیه ارتباطی بسیار مهم است. تعادل پیوستگی اشاره به همبستگی بین آلل‌ها در یک جمعیت دارد، در حالی که پیوستگی اشاره به توارث همزمان لوکوس‌هایی دارد که در طول یک کروموزوم به‌طور فیزیکی ارتباط دارند. بنابراین گرچه LD و پیوستگی مرتبطند ولی آنها کاملاً متمایز هستند. الگوی تلاقی جمعیت و ترکیب آن شدیداً LD را تحت تاثیر قرار می‌دهد. از عوامل افزایش‌دهنده مقدار LD می‌توان به سیستم اتوگامی، اپیستازی، نوآرایی‌های ژنومی، رانده شدن ژنتیکی، ایزولاسیون ژنتیکی، ساختار جمعیت، اندازه کوچک جمعیت، انتخاب و درجه خویشاوندی اشاره کرد، در حالی که دگرآمیزی (آلوگامی)، مقادیر بالای نوترکیبی و موتاسیون و همچنین موتاسیون‌های دوره‌ای از عوامل کاهش‌دهنده مقدار LD هستند^[40-42]. به‌طور کلی LD در گونه‌های دگرگرده‌افشان در قیاس با گونه‌های خودگرده‌افشان سریع‌تر کاهش می‌یابد که دلیل آن کم‌تر بودن نوترکیبی در گونه‌های خودگرده‌افشان و همچنین هموزیگوس بودن اکثر افراد در مقایسه با گونه‌های دگرگرده‌افشان است^[43]. بیشترین تحقیقات در زمینه LD در ذرت و آرابیدوپسیس صورت گرفته است^[44]. الگوی LD در آرابیدوپسیس کاملاً با این الگو در ذرت متفاوت است. مقدار LD در آرابیدوپسیس بسیار بیشتر است^[45]. تغییرات سطوح نوکلئوتیدی و کاهش LD در ژنوتیپ‌های ذرت مشاهده شده که می‌تواند منعکس‌کننده سطوح مختلفی از فشار گزینشی روی مکان‌های ژنی منحصربه‌فرد در طول اهلی شدن این گونه گیاهی باشد^[46].

در پژوهش حاضر برای شناسایی نواحی ژنومی دخیل در کنترل صفات مورد مطالعه در لاین‌های آفتابگردان روغنی، تجزیه ارتباط براساس نشانگرهای ریزماهواره صورت گرفت. براساس مدل GLM در مجموع ۲۴ نشانگر SSR ارتباط معنی‌داری با ۹ صفت مورد مطالعه داشتند. نشانگرهای شناسایی‌شده برای صفات مورد بررسی پس از تایید و اعتبارسنجی در برنامه‌های اصلاحی مفید خواهند بود. با استفاده از نشانگرهای مشترک و نقشه‌یابی آنها روی ژنوم گونه‌های مختلف امکان یافتن مناطق همولوگ برای QTL‌های کنترل‌کننده صفات مورد نظر فراهم می‌شود^[47]. مدل GLM در قیاس با MLM نشانگرهای معنی‌دار بیشتری را شناسایی کرد. در MLM برای کاهش خطای نوع اول (خطای مربوط به ارتباط دروغین نشانگر-صفت) هم ساختار جمعیت و هم روابط خویشاوندی به‌عنوان کواریت در نظر گرفته می‌شوند، در حالی که در مدل GLM تنها ساختار جمعیت در نظر گرفته می‌شود^[48]. بنابراین با توجه به کنترل شدید عوامل موثر در خطا نتایج دور از انتظار نیست.

تعیین ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و صفات مورفولوژیک گامی موثر در اصلاح نباتات مولکولی است. پیوستگی ژنتیکی بین نشانگرها و مکان‌های ژنی صفات کمی، محتمل‌ترین توجیه برای وجود رابطه بین نشانگرهای مولکولی و نمود صفات کمی است. استفاده از پیوستگی بین نشانگرهای مولکولی و ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی، فرآیند اصلاح نباتات را تسریع می‌کند،

در پژوهش حاضر نشانگرهای ریزماهواره مرتبط با مقاومت به بیماری پوسیدگی اسکروتینیایی یقه ساقه در آفتابگردان گزارش شد که می‌توانند به‌عنوان ابزاری مناسب در برنامه‌های به‌نژادی آفتابگردان به‌منظور تولید ارقام مقاوم به بیماری استفاده شوند.

پیشنهاد می‌شود در مطالعات آینده، اعتبارسنجی نشانگرهای شناسایی‌شده در جمعیت‌های بزرگ انجام شوند که بعد از تایید نشانگرهای شناسایی‌شده می‌توان از آنها در گزینش به کمک نشانگر و تولید ارقام مقاوم به بیماری استفاده کرد. لازم است مقاومت لاین‌های مقاوم در برابر جدایه‌های دیگر قارچ نیز بررسی شود. در این صورت لاین‌ها با اطمینان بیشتر می‌توانند در پروسه تولید ارقام هیبرید مقاوم به بیماری مورد استفاده قرار گیرند. در مطالعات بعدی می‌توان با توالی‌یابی مکان‌هایی که تغییرات قابل توجهی از صفات را توجیه می‌نمایند، ژن‌های کدکننده مقاومت به بیماری و صفات مهم زراعی را شناسایی کرد.

از جمله محدودیت‌های پژوهش حاضر می‌توان به تعداد و تیپ نشانگر به‌کاررفته اشاره کرد. پیشنهاد می‌شود در مطالعات بعدی از نشانگرهای عملکردی از قبیل نشانگر SNP با تعداد بیشتر بهره برد. همچنین توصیه می‌شود به‌منظور در نظر گرفتن اثر متقابل ژنوتیپ در محیط آزمایش در بیش از یک سال تکرار شود. منابع مالی کم نیز از محدودیت‌های اساسی پژوهش بود.

نتیجه‌گیری

چهار لاین B45-03، H100A-83HR4، RHA274 و لاین ایرانی با کد ۲۸ با منشا ژنتیکی متفاوت و سطوح بالای مقاومت شناسایی شدند. براساس مدل خطی عمومی و مخلوط به‌ترتیب ۲۴ و ۱۵ نشانگر SSR با صفات مورد نظر ارتباط دارند. نشانگرهای P733، P807 و P1256 همزمان با سه صفت مرتبط هستند.

تشکر و قدردانی: از انستیتو ملی تحقیقات آگرونومی تولوز فرانسه به‌خاطر در اختیار گذاشتن بذور رگه‌های خویش آمیخته نوترکیب آفتابگردان و دانشکده کشاورزی و پژوهشکده زیست‌فناوری دانشگاه ارومیه به‌دلیل فراهم نمودن امکانات لازم برای انجام پژوهش، تشکر و قدردانی می‌شود.

تاییدیه اخلاقی: بدین وسیله نگارندگان مقاله تایید می‌نمایند در ایده، طراحی، اجرا، تجزیه و تحلیل و نگارش مقاله با یکدیگر همکاری داشته‌اند و اعلام می‌دارند پژوهش حاضر برداشت مستقیم از نوشته‌های چاپ‌شده یا در حال چاپ دیگر تحقیقات نیست.

تعارض منافع: هیچگونه تعارض منافعی بین نویسندگان مقاله وجود ندارد.

سهم نویسندگان: رشید پاک‌نیا (نویسنده اول)، نگارنده مقدمه/پژوهشگر اصلی/تحلیلگر آماری (۴۰٪)؛ رضا درویش‌زاده (نویسنده دوم)، روش‌شناس/تحلیلگر آماری/نگارنده بحث (۲۵٪)؛ فرج‌اله شهریاری (نویسنده سوم)، روش‌شناس/نگارنده بحث (۲۵٪)؛ سعید ملک‌زاده (نویسنده چهارم) پژوهشگر کمکی (۱۰٪)

منابع مالی: منابع مالی پژوهش حاضر توسط دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه و دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد تامین شده است.

منابع

1- Baack EJ, Whitney KD, Rieseberg LH. Hybridization and genome size evolution: Timing and magnitude of

تلاقی دو لاین HA 441 و RH 439 در آزمایشات مزرعه‌ای با دو تکرار مورد بررسی قرار گرفت. در این مطالعه با استفاده از نقشه ژنتیکی توسعه‌یافته با ۱۸۰ نشانگر چندشکلی قطعات تکثیری حاصل از ناحیه هدف (TRAP)، ۳۲ نشانگر SSR، ۱۱ نشانگر درجی- حذفی (INDE) و دو مارکر مورفولوژیک، ۹ مکان ژنی برای پیشرفت بیماری و ۷ مکان ژنی برای شدت بیماری شناسایی شد. پنج تا از QTL‌های شناسایی‌شده در بیش از یک آزمایش مزرعه‌ای شناسایی شدند و هر کدام بیش از ۱۲/۹٪ تغییرات فنوتیپی را توجیه می‌نمودند. بنابراین مکان‌های کمی شناسایی‌شده می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی آفتابگردان مفید باشند. گرچه همبستگی مثبتی بین دو شاخص پیشرفت و شدت بیماری وجود داشت ولی بیشتر QTL‌ها در مناطق مختلف کروموزومی قرار گرفتند که این بیانگر اساس ژنتیکی متفاوت برای این دو شاخص است [51].

در پژوهشی با هدف نقشه‌یابی ارتباطی شناسایی مکان‌های دخیل در مقاومت به پوسیدگی ساقه با استفاده از ۲۶۰ ژنوتیپ آفتابگردان و ۷ ژن کاندید مشخص شد که ۲ ژن (*HaCO11-1* و *HaCO11-2*) ارتباط بسیار معنی‌داری با مقاومت به بیماری پوسیدگی ساقه دارند ($p < 0.01$) و در حدود ۷/۴٪ تغییرات فنوتیپی را در این جمعیت توجیه می‌نمایند [52]. در مطالعه‌ای دیگر به‌منظور شناسایی مکان‌های ژنی دخیل در مقاومت به پوسیدگی ساقه در برابر ۷ جدایه قارچی *اسکروتینیا اسکروتیوروم*، ۱۵ ژنوتیپ آفتابگردان از کشورهای مختلف دنیا با استفاده از ۳۸ نشانگر SSR ارزیابی و ۵ نشانگر اختصاصی برای مقاومت جزئی در برابر جدایه‌ها شناسایی شد. در این مطالعه دو مورد از نشانگرها بین بعضی از جدایه‌ها مشترک، در حالی که سایر نشانگرها برای هر جدایه اختصاصی بود. نشانگر ORS1256 برای دو جدایه SSU35 و SSU87 و نشانگر ORS49 برای دو جدایه SSU53 و SSU55 به‌طور مشترک شناسایی شدند [57]. در تحقیقی با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره ۲۹ مکان در آفتابگردان شناسایی شد که ارتباط معنی‌داری با صفات مختلف آگرومورفولوژیک نشان می‌دادند [58]. فوساری و همکاران [22] با روش نقشه‌یابی ارتباطی، مکان‌های ژنی کنترل‌کننده مقاومت به بیماری اسکروتینیا در آفتابگردان را شناسایی کردند و با استفاده از مدل خطی مخلوط یک ژن کاندید یافتند که ۲۰٪ تغییرات فنوتیپی را توجیه کرد. تکنیک نقشه‌یابی ارتباطی در سایر گیاهان زراعی مانند جو [59]، آرابیدوپسیس [60]، سورگوم [61] و گندم [62] نیز انجام شده است.

پژوهش حاضر با استفاده از مجموعه متنوعی از لاین‌های آفتابگردان روغنی و آغازگرهای SSR به‌منظور شناسایی لاین‌های مقاوم و نشانگرهای مرتبط با صفات مهم مقاومت به بیماری اجرا شد. چهار لاین B45-03، H100A-83HR4، RHA274 و لاین ایرانی با کد ۲۸ با منشا ژنتیکی متفاوت و سطوح بالای مقاومت شناسایی شدند که می‌توانند به‌عنوان والدین هیبرید مقاوم مورد استفاده قرار گیرند. وجود لاین‌های مقاوم در ژرم‌پلاسم آفتابگردان مورد آزمایش نویدبخش موفقیت در امر اصلاح این گیاه با خصوصیات برتر از جمله مقاومت به بیماری قارچی ناشی از اسکروتینیا در شرایط آب و هوایی منطقه و ایران است. امروزه روش آماری MLM به‌طور گسترده‌ای برای تجزیه ارتباط در گیاهان استفاده می‌شود. براساس این مدل ارتباطیابی که به‌منظور دقت بیشتر و ارزیابی کمتر در شناسایی نشانگر از اطلاعات بیشتری نسبت به مدل GLM استفاده می‌شود، ۱۵ نشانگر SSR مرتبط با صفات مورد نظر شناسایی شد. بعضی از نشانگرهای شناسایی‌شده با بیش از یک صفت مورد ارزیابی مرتبط بودند.

- sunflower for Sclerotinia Head Rot resistance. *BMC Plant Biol.* 2012;12:93.
- 23- Campbell MA, Fitzgerald HA, Ronald PC. Engineering pathogen resistance in crop plants. *Transgenic Res.* 2002;11(6):599-613.
- 24- Tang S, Yu JK, Slabaugh B, Shintani K, Knapp J. Simple sequence repeat map of the sunflower genome. *Theor Appl Genet.* 2002;105(8):1124-36.
- 25- Paniego N, Echaide M, Muñoz M, Fernández L, Torales S, Faccio P, et al. Microsatellite isolation and characterization in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Genome.* 2002;45(1):34-43.
- 26- Poormohammad Kiani S, Grieu P, Maury P, Hewezi T, Gentzbittel L, Sarrafi A. Genetic variability for physiological traits under drought conditions and differential expression of water stress-associated genes in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Theor Appl Genet.* 2007;114(2):193-207.
- 27- Dellaporta SL, Wood J, Hicks JB. A plant DNA miniprep: Version II. *Plant Mol Biol Report.* 1983;1(4):19-21.
- 28- Kholghi M, Darvishzadeh R, Bernousi I, Pirzad A, Laurentin H. Assessment of genomic diversity among and within Iranian confectionary sunflower (*Helianthus annuus* L.) populations by using simple sequence repeat markers. *Acta Agric Scand Sect B Soil Plant Sci.* 2012;62(6):488-98.
- 29- Rosenberg NA, Pritchard JK, Weber JL, Cann HM, Kidd KK, Zhivotovsky LA, et al. Genetic structure of human populations. *Science.* 2002;298(5602):2381-5.
- 30- Spataro G, Tiranti B, Arcaleni P, Bellucci E, Attene G, Papa R, et al. Genetic diversity and structure of a worldwide collection of *Phaseolus coccineus* L. *Theor Appl Genet.* 2011;122(7):1281-91.
- 31- Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: A simulation study. *Mol Ecol.* 2005;14(8):2611-20.
- 32- Bradbury PJ, Zhang Z, Kroon DE, Casstevens TM, Ramdoss Y, Buckler ES. TASSEL: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics.* 2007;23(19):2633-5.
- 33- Iqbal A, Sadaqat HA, Khan AS, Amjad M. Identification of sunflower (*Helianthus annuus*, Asteraceae) hybrids using simple-sequence repeat markers. *Genet Mol Res.* 2011;10(1):102-6.
- 34- Kholghi M, Bernousi I, Darvishzadeh R, Pirzad AR, Hatami Maleki H. Collection, evaluation and classification of Iranian confectionary sunflower (*Helianthus annuus* L.) populations using multivariate statistical techniques. *Afr J Biotechnol.* 2011;10(28):5444-51.
- 35- Mohanasundaram K, Manivannan N, Vindhiya Varman P. Combining ability analysis for seed yield and its components in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Electron J Plant Breed.* 2010;1(4):864-8.
- 36- Singh SB, Lebana KS. Correlation and path analysis in sunflower. *Crop Improv.* 1990;17(1):49-53.
- 37- Breseghello F, Sorrells ME. Association mapping of kernel size and milling quality in wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. *Genetics.* 2006;172(2):1165-77.
- 38- Liu A, Burke JM. Patterns of nucleotide diversity in wild and cultivated sunflower. *Genetics.* 2006;173(1):321-30.
- 39- Kolkman JM, Berry ST, Leon AJ, Slabaugh MB, Tang S, Gao W, et al. Single nucleotide polymorphisms and linkage disequilibrium in sunflower. *Genetics.* 2007;177(1):457-68.
- 40- Al-Maskri AY, Sajjad M, Khan SH. Association nuclear DNA content increases in *Helianthus* homoploid hybrid species. *New Phytol.* 2005;167(2):623-30.
- 2- Onemli F, Gucer T. Response to drought of some wild species of *Helianthus* at seedling growth stage. *Helia.* 2010;33(53):45-54.
- 3- Charney M. Sunflower seeds and their products. *J Agric Food Inf.* 2010;11(2):81-9.
- 4- Boland GJ, Hall R. Index of plant hosts of *Sclerotinia sclerotiorum*. *Can J Plant Pathol.* 1994;16(2):93-108.
- 5- Masirevic S, Gulya TJ. *Sclerotinia* and *Phomopsis* - two devastating sunflower pathogens. *Field Crops Res.* 1992;30(3-4):271-300.
- 6- Bolton MD, Thomma BP, Nelson BD. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: Biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen. *Mol Plant Pathol.* 2006;7(1):1-16.
- 7- Hahn V. Genetic variation for resistance to *Sclerotinia* head rot in sunflower inbred lines. *Field Crops Res.* 2002;77(2-3):153-9.
- 8- Rönicke S, Hahn V, Friedt W. Resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* of 'high oleic' sunflower inbred lines. *Plant Breed.* 2005;124(4):376-81.
- 9- Gulya TJ, Vick BA, Nelson BD. *Sclerotinia* head rot of sunflower in North Dakota: 1986 incidence, effect on yield and oil components, and sources of resistance. *Plant Dis.* 1989;73(6):504-7.
- 10- Carson ML. Relationship between *Phoma* black stem severity and yield losses in hybrid sunflower. *Plant Dis.* 1991;75(11):1150-3.
- 11- Kearsey MJ, Farquhar AGL. QTL analysis in plants, where are we now?. *Heredity.* 1998;80:137-42.
- 12- Andaya VC, Tabanao D, Maramara G, Sebastian LS. Correlation of molecular diversity with heterosis in nine lowland rice. *Philipp J Crop Sci (Philippines).* 1996;21(Suppl 1):4.
- 13- Snowdon RJ, Friedt W. Molecular markers in Brassica oilseed breeding: Current status and future possibilities. *Plant Breed.* 2004;123(1):1-8.
- 14- Langridge P, Lagudah ES, Holton TA, Appels R, Sharp PJ, Chalmers KJ. Trends in genetic and genome analyses in wheat: A review. *Aust J Agric Res.* 2001;52(12):1043-77.
- 15- Buckler ES, Thornsberry JM. Plant molecular diversity and applications to genomics. *Curr Opin Plant Biol.* 2002;5(2):107-11.
- 16- Speed D, Hemani G, Johnson MR, Balding DJ. Improved heritability estimation from genome-wide SNPs. *Am J Hum Genet.* 2012;91(6):1011-21.
- 17- Myles S, Peiffer J, Brown PJ, Ersoz ES, Zhang Z, Costich DE, et al. Association mapping: Critical considerations shift from genotyping to experimental design. *Plant Cell.* 2009;21(8):2194-202.
- 18- Wang WY, Barratt BJ, Clayton DG, Todd JA. Genome-wide association studies: Theoretical and practical concerns. *Nat Rev Genet.* 2005;6(2):109-18.
- 19- Rafalski A. Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. *Curr Opin Plant Biol.* 2002;5(2):94-100.
- 20- Zhu C, Gore M, Buckler ES, Yu J. Status and prospects of association mapping in plants. *Plant Genome.* 2008;1(1):5-20.
- 21- Thornsberry JM, Goodman MM, Doebley J, Kresovich S, Nielsen D, Buckler ES. Dwarf8 polymorphisms associate with variation in flowering time. *Nat Genet.* 2001;28(3):286-9.
- 22- Fusari CM, Di Rienzo JA, Troglia C, Nishinakamasu V, Moreno MV, Maringolo C, et al. Association mapping in

- V, McPhee K, et al. Candidate gene association mapping of Sclerotinia stalk rot resistance in sunflower (*Helianthus annuus* L.) uncovers the importance of COI1 homologs. *Theor Appl Genet*. 2014;127(1):193-209.
- 53- Guo X, Stotz HU. Defense against Sclerotinia sclerotiorum in Arabidopsis is dependent on jasmonic acid, salicylic acid, and ethylene signaling. *Mol Plant Microbe Interact*. 2007;20(11):1384-95.
- 54- Hernández-Blanco C, Feng DX, Hu J, Sánchez-Vallet A, Deslandes L, Llorente F, et al. Impairment of cellulose synthases required for Arabidopsis secondary cell wall formation enhances disease resistance. *Plant Cell*. 2007;19(3):890-903.
- 55- Micic Z, Hahn V, Bauer E, Schön CC, Knapp SJ, Tang S, et al. QTL mapping of Sclerotinia midstalk-rot resistance in sunflower. *Theor Appl Genet*. 2004;109(7):1474-84.
- 56- Würschum T, Anyanga WO, Hahn V. Inheritance of Sclerotinia midstalk rot resistance in elite sunflower breeding germplasm. *Helia*. 2014;37(61):193-203.
- 57- Darvishzadeh R. Association of SSR markers with partial resistance to Sclerotinia sclerotiorum isolates in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Aust J Crop Sci*. 2012;6(2):276-82.
- 58- Vanitha J, Manivannan N, Chandirakala R. Qualitative trait loci analysis for seed yield and component traits in sunflower. *Afr J Biotechnol*. 2014;13(6):754-61.
- 59- Inostroza L, Del Pozo A, Matus I, Castillo D, Hayes P, Machado S, et al. Association mapping of plant height, yield, and yield stability in recombinant chromosome substitution lines (RCSLs) using *Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum* as a source of donor alleles in a *Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* background. *Mol Breed*. 2009;23(3):365-76.
- 60- Aranzana MJ, Kim S, Zhao K, Bakker E, Horton M, Jakob K, et al. Genome-wide association mapping in Arabidopsis identifies previously known flowering time and pathogen resistance genes. *PLoS Genet*. 2005;1(5):e60.
- 61- Sukumaran S, Xiang W, Bean SR, Pedersen JF, Kresovich S, Tuinstra MR, et al. Association mapping for grain quality in a diverse sorghum collection. *Plant Genome*. 2012;5(3):126-35.
- 62- Liu L, Wang L, Yao J, Zheng Y, Zhao C. Association mapping of six agronomic traits on chromosome 4A of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Mol Plant Breed*. 2010;1(5):1-10.
- mapping: A step forward to discovering new alleles for crop improvement. *Int J Agric Biol*. 2012;14(1):153-60.
- 41- Gupta PK, Rustgi S, Kulwal PL. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: Present status and future prospects. *Plant Mol Biol*. 2005;57(4):461-85.
- 42- Oraguzie NC, Wilcox PL, Rikkerink EHA, Nihal De Silva H. Linkage disequilibrium. In: Oraguzie NC, Rikkerink EHA, Gardiner SE, Nihal De Silva H, editors. *Association mapping in plants*. Heidelberg: Springer Science & Business Media; 2007. pp. 11-39.
- 43- Pritchard JK, Przeworski M. Linkage disequilibrium in humans: Models and data. *Am J Hum Genet*. 2001;69(1):1-14.
- 44- Tenaillon MI, Sawkins MC, Long AD, Gaut RL, Doebley JF, Gaut BS. Patterns of DNA sequence polymorphism along chromosome 1 of maize (*Zea mays* ssp. *mays* L.). *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2001;98(16):9161-6.
- 45- Peng J, Richards DE, Hartley NM, Murphy GP, Devos KM, Flintham JE, et al. 'Green revolution' genes encode mutant gibberellin response modulators. *Nature*. 1999;400(6741):256-61.
- 46- Andersen JR, Zein I, Wenzel G, Darnhofer B, Eder J, Ouzunova M, et al. Characterization of phenylpropanoid pathway genes within European maize (*Zea mays* L.) inbreds. *BMC Plant Biol*. 2008;8:2.
- 47- Bezant J, Laurie D, Pratchett N, Chojcecki J, Kearsey M. Mapping QTL controlling yield and yield components in a spring barley (*Hordeum vulgare* L.) cross using marker regression. *Mol Breed*. 1997;3(1):29-38.
- 48- Yu JK, Tang S, Slabaugh MB, Heesacker A, Cole G, Herring M, et al. Towards a saturated molecular genetic linkage map for cultivated sunflower. *Crop Sci*. 2003;43(1):367-87.
- 49- Filippi CV, Aguirre N, Rivas JG, Zubrzycki J, Puebla A, Cordes D, et al. Population structure and genetic diversity characterization of a sunflower association mapping population using SSR and SNP markers. *BMC Plant Biol*. 2015;15:52.
- 50- Huang HC. Screening sunflower for resistance to Sclerotinia wilt. *Plant Pathol Bull*. 2002;11:15-8.
- 51- Yue B, Radi SA, Vick BA, Cai X, Tang S, Knapp SJ, et al. Identifying quantitative trait loci for resistance to Sclerotinia head rot in two USDA sunflower germplasms. *Phytopathology*. 2008;98(8):926-31.
- 52- Talukder ZI, Hulke BS, Qi L, Scheffler BE, Pegadaraju