

Research Article

Plant Prod., 2022, 44(4), 515-530  
<http://plantproduction.scu.ac.ir//>

ISSN (P): 2588-543X  
ISSN (E): 2588-5979

## Estimating Breeding Value of Pomological Traits in Grape Cultivars Based on REMAP Molecular Markers

Mitra Razi<sup>1</sup>, Reza Darvishzadeh<sup>2</sup> \*, Hamed Doulati Baneh<sup>3</sup>, Mohammad Esmail Amiri<sup>4</sup>, Pedro Martinez-Gomez<sup>5</sup>

- 1- Ph.D. Graduate of Horticulture, Physiology and Breeding of Fruit Trees, Department of Horticulture, Zanjan University, Zanjan, Iran
- 2- \*Corresponding Author: Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran (r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)
- 3- Associate Professor, Horticultural Crops Research Department, Kurdistan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Sanandaj, Iran
- 4- Professor, Department of Horticulture, Zanjan University, Zanjan, Iran
- 5- Professor, CEBAS-CSIC, Murcia, Spain

**Citation:** Razi, M., Darvishzadeh, R., Doulati Baneh, H. Esmail Amiri, M., & Martinez-Gomez, P. (2022). Estimating breeding value of pomological traits in grape cultivars based on REMAP molecular markers. *Plant Productions*, 44(4), 515-530.

 10.22055/ppd.2020.34003.1925

Received: 24 June 2020

Accepted: 18 November 2020

### Abstract

#### Introduction

One of the most important goals of grapes breeding is to obtain seedless grapes with large berries and good taste. In order to achieve table and raisin grape varieties with good quality, desirable taste and larger berries with various colors, it is necessary to estimate the breeding value of the desired traits. In this study, breeding values of fourteen characters in 45 grape cultivars were predicted using the best linear prediction (BLUP) prediction. The purpose of the study was to estimate the breeding value of the grape cultivars and to identify the superior cultivars. The results of this study can be of great help to breeders in selecting cultivars with favorable market traits and cultivars with better yield.

#### Materials and Methods

In this study, 45 grape cultivars in the collection of Agricultural and Natural Resources Research Center of West Azerbaijan Province were used. From each of the cultivars in the first year of research, ten 14-year-old plants were selected and TSS, pH, TA, berry weight, flesh weight, single seed weight, seed number, juice volume, pollen germination, cluster length, cluster width, cluster weight, fruit set in open and under controlled pollination were investigated. The characteristics were measured for three consecutive years.



## Results and Discussion


Based on the results, considering the sum of the breeding values of all the studied traits, Agh Shani, Taifi, Qzl Ouzum, Lal Qermez, Tabarze Qermez, Garmian, Rishbaba Qermez and Qara Shani cultivars had the highest rank. Among the studied seedless cultivars, Rejin cultivar had the highest breeding value in terms of single seed weight, and Keshmeshi Sefid cultivar in terms of seed number. Among the seeded cultivars, Shirazi cultivar showed the highest breeding value in terms of single seed weight and Qara Shani cultivar in terms of seed number. Garmian, Rishbaba Qermez, Keshmeshi Qermez, Tabarze Qermez, Agh Shani and Shirazi had positive breeding value for pollen germination, fruit set in open pollination and fruit set under controlled pollination. Sarghola, Gazandai and Qzl Ouzum cultivars had the high and positive breeding value for berry weight and fresh weight. Lal Qermez, Rishbaba Qermez and Tabarze Qermez cultivars had high and positive breeding value for cluster weight, cluster width and cluster weight. Genotypes with the highest breeding value had the highest ability to transfer their traits to offspring. Therefore, they can be used as a desirable parent to modify these traits in crop breeding programs.

## Conclusion

In this study, breeding values of fourteen characters including total soluble solids, titratable acidity, berry weight, flesh weight, single seed weight, seed number, juice volume, fruit set in open pollination, pollen germination, cluster length, cluster width, cluster weight, fruit set under controlled pollination in 45 grape cultivars were predicted using the best linear prediction (BLUP) prediction. Studied cultivars showed different breeding values for the studied traits. Genotypes with the highest breeding value can be used as a desirable parent to modify these traits in grape breeding programs as these genotypes have the highest ability to transfer their traits to offspring.

**Keywords:** Grape, Heritability, Mixed linear model, Retrotransposon-based molecular markers, Quantitative genetics.

## تخمین ارزش اصلاحی صفات پومولوژیک انگور بر اساس نشانگر مولکولی REMAP

میترا رازی<sup>۱</sup>، رضا درویش زاده<sup>۲\*</sup> , حامد دولتی بانه<sup>۳</sup>، محمد اسماعیل امیری<sup>۴</sup>، پدرو مارتینز گومز<sup>۵</sup>

- ۱- دانش آموخته دکتری باغبانی، فیزیولوژی و اصلاح درختان میوه، گروه باغبانی دانشکده کشاورزی دانشگاه زنجان، زنجان، ایران
- ۲- نویسنده مسئول: استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران  
(r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)
- ۳- دانشیار پژوهشی، بخش تحقیقات باغبانی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی کردستان، سنندج، ایران
- ۴- استاد، گروه باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران
- ۵- استاد، CEBAS-CSIC، مورسیا، اسپانیا

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۸/۲۸

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۴/۰۴

## چکیده

یکی از مهم ترین اهداف به نژادی انگور دستیابی به ارقام بی دانه با حبه های درشت و طعم و مزه مطلوب است. در برنامه های به نژادی اطلاع از نحوه عمل و میزان اثر ژن ها مهم می باشد چرا که دانش در این زمینه به به نژادگران در انتخاب ارقام با صفات مطلوب بازار پسند و ارقام با عملکرد بهتر کمک اساسی می نماید. در این پژوهش، ارزش اصلاحی برای چهارده صفت شامل: مواد جامد محلول، pH، اسیدیته، وزن حبه، وزن گوشت حبه، وزن تک بذر، تعداد بذر، حجم آب میوه، عرض خوشه، طول خوشه، وزن خوشه، درصد جوانه زنی دانه گرده، درصد تشکیل میوه در شرایط گرده افشانی آزاد و گرده افشانی کنترل شده در ۴۵ رقم انگور آذربایجان غربی با استفاده از بهترین پیش بینی ناریب خطی (BLUP) برآورد شد. ارزیابی های فنوتیپی در مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان غربی (ایستگاه تحقیقات دکتر نخجوانی (کهریز)) و ارزیابی های ژنوتیپی در پژوهشکده زیست فناوری دانشگاه ارومیه در سال ۱۳۹۵ انجام گرفت. با در نظر گرفتن مجموع ارزش های اصلاحی صفات مورد مطالعه، ارقام آق شانی، طائفی، قزل اوزوم، لعل قرمز، تبرزه قرمز، گرمیان، ریش بابا قرمز و قره شانی بالاترین رتبه را داشتند. در بین ارقام بی دانه مورد مطالعه؛ رقم رجین از لحاظ وزن تک بذر و رقم کشمش سفید از لحاظ تعداد بذر دارای بالاترین میزان ارزش اصلاحی بودند و به نظر می رسد که این ارقام بی دانه بالاترین توان انتقال صفات وزن تک بذر و تعداد بذر را به نسل بعد دارند. در بین ارقام دانه دار رقم شیرازی از لحاظ وزن تک بذر و رقم قره شانی از لحاظ تعداد بذر دارای بالاترین میزان ارزش اصلاحی بودند. ارقام گرمیان، ریش بابا قرمز، کشمش قرمز، تبرزه قرمز، آق شانی و شیرازی برای صفات جوانه زنی دانه گرده، درصد تشکیل میوه در شرایط گرده افشانی آزاد و کنترل شده ارزش اصلاحی مثبت و بالا نشان دادند. ارقام سرفوله، گزندایی و قزل اوزوم با داشتن ارزش اصلاحی بالا و مثبت برای صفات وزن حبه و وزن گوشت میوه می توانند به عنوان والد مناسب برای اصلاح این صفات در برنامه های تلاقی استفاده شوند چرا که بهتر می توانند خصوصیات خود را به نتاج منتقل نمایند. ارقام لعل قرمز، ریش بابا قرمز و تبرزه قرمز نیز برای سه صفت طول خوشه، عرض خوشه و وزن خوشه دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالا بودند و بنابراین می توانند به عنوان والد مطلوب برای اصلاح این صفات در برنامه های به نژادی انگور معرفی شوند.

کلیدواژه ها: انگور، ژنتیک کمی، مدل خطی مخلوط، نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون، وراثت پذیری

### مقدمه

از مهم ترین اهداف به نژادی در انگور می توان به تولید رقم هایی با جبه درشت و بی دانه، اندازه یکنواخت جبه، رنگ مطلوب و انبارمانی مناسب و داشتن جبه های گوشتی با عطر و طعم مطلوب اشاره کرد ( Doulati Baneh and Jalili Marandi, 2014). کیفیت خوراکی انگور بستگی به میزان قند، اسید و نسبت آن ها به یکدیگر و گوشتی بودن جبه دارد. بافت تُرد جبه نیز اهمیت خاصی از دیدگاه مصرف کنندگان دارد ( Sato et al., 2004). ارقام بی دانه موجود در ایران دارای مشکلاتی هستند. به عنوان مثال در ارقام بی دانه سفید و قرمز؛ ریزی و آبدار بودن جبه ها و در رقم عسکری؛ پوست نازک و ریزش بالای جبه ها از جمله صفات منفی هستند که برای برطرف کردن آن ها نیاز به کارهای به نژادی می باشد (Ebadi and Hadadinejad, 2015). یکی از مراحل ابتدایی و مهم در برنامه های به نژادی ثبت ژنوتیپی ارقام مورد مطالعه با استفاده از نشانگرهای مولکولی می باشد. با توسعه تکنولوژی نشانگرهای مولکولی، ثبت ژنوتیپی و کالبد شکافی دقیق اساس ژنتیکی صفات کمی امکان پذیر شده است (Semagn et al., 2010). در میان نشانگرها، نشانگرهای مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون ها به طور گسترده ای در مطالعات ژنتیکی گیاهان استفاده شده است (Vukich et al., 2009; Nasri et al., 2013). خانواده رتروترانسپوزونی Gret1، Vine1 و Tv1 فراوانی بالایی در ژنوم ارقام انگور دارند (Pereira et al., 2005; D'Onofrio et al., 2010). نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون IRAP و REMAP دارای چندشکلی ادغامی کافی برای تمایز ارقام مختلف انگور می باشند و می توانند به عنوان نشانگر مولکولی برای مطالعات مرتبط با ژنتیک گیاهی در انگور استفاده شوند (Pereira et al., 2005).

در یک برنامه به نژادی اطلاع از نحوه عمل و میزان اثر ژن ها مهم می باشد چرا که دانش در این زمینه به محقق در طراحی برنامه های تلاقی و انتخاب مؤثر کمک می نماید (Hajiali et al., 2017). ارزش اصلاحی

به عنوان مجموع اثرهای متوسط ژن هایی که یک فرد حمل می کند اطلاق می شود. مجموع اثرهای متوسط ژن ها از مجموع اثرهای متوسط دو آلل در هر مکان ژنی و سپس جمع اثرهای متوسط تمام مکان های ژنی کنترل کننده صفت به دست می آید ( Falconer and Mackay, 1996). واریانس بین ارزش های اصلاحی افراد در یک جمعیت، واریانس افزایشی تعریف می شود. به طور کلی اگر سهم واریانس افزایشی بیشتر از واریانس غالبیت و اپیستازی باشد می توان انتخاب برای صفت مورد نظر را به طور مستقیم انجام داد؛ اما در صورتی که واریانس های غالبیت و اپیستازی بیشتر باشند (وراثت پذیری خصوصی صفت کم باشد  $h_n^2 = \frac{V_A}{V_E + V_{GE} + V_A + V_D + V_I}$ ) دیگر انتخاب برای صفت مورد نظر بر اساس فنوتیپ، مؤثر نخواهد بود. در فرمول وراثت پذیری خصوصی:  $V_A$  واریانس افزایشی،  $V_E$  واریانس محیطی،  $V_{GE}$  واریانس اثر متقابل ژنوتیپ در محیط،  $V_D$  واریانس غالبیت،  $V_I$  واریانس اثرات اپیستازی می باشد. به طور معمول مخصوصاً در اصلاح نژاد دام، برآورد ارزش های اصلاحی توسط بهترین پیش بینی نأریب خطی (Best Linear (BLUP) Unbiased Prediction) و بر اساس شجره افراد در نرم افزارهایی مانند Wombat انجام می شود ( Meyer, 2007). در این نرم افزارها بر اساس اطلاعات خویشاوندان در یک ماتریس ارتباط افزایشی ( Additive relation matrix) بنام A (ماتریس ضرایب همخوانی)، پیش بینی ها در قالب مدل خطی مخلوط انجام می شوند.

BLUP همبستگی بین ارزش های ژنوتیپی واقعی و مقادیر ژنتیکی پیش بینی شده را به حداکثر می رساند که هدف اصلی به نژاد گران است (Searle et al., 2009). امروزه استفاده از این روش در اصلاح دام و درختان جنگلی، هم چنین گیاهان یک ساله برای پیش بینی مقادیر ژنتیکی و ارزش های اصلاحی رو به تزاید هست. با برآورد ارزش های اصلاحی، گزینش افراد (گیاهان) بر مبنای این ارزش ها انجام می گیرد (Bernardo, 1994). در پژوهشی ارزش های اصلاحی لاین های Secondary

آزاد و کنترل شده و درصد جوانه‌زنی دانه گرده اندازه‌گیری شد. این کار (اندازه‌گیری صفات روی بوته‌های انتخاب شده ارقام) دو سال متوالی دیگر تکرار شد. به عبارتی ثبت رکورد ژنوتیپ‌ها سه سال متوالی تکرار گردید.

مقدار مواد جامد محلول میوه با استفاده از دستگاه رفرکتومتر (مدل Atago Manual)، مقدار اسیدیته با تیتراسیون (Ayala-Zavala et al., 2007) و pH میوه با استفاده از دستگاه pH متر (مدل Metrohm 744، ساخت کشور سوئیس) اندازه‌گیری شدند. برای اندازه‌گیری وزن تک بذر، تعداد ۱۵ جبه انگور از هر بوته/رقم انتخاب و توزین شدند و با جدا کردن بذرهای هر جبه، وزن گوشت میوه به دست آمد و از اختلاف وزن کل از گوشت جبه؛ وزن بذر محاسبه شد. تعداد بذر موجود در هر جبه شمارش و میانگین آن ثبت شد. برای اندازه‌گیری طول و عرض خوشه، از هر بوته تعداد سه خوشه از موقعیت‌های یکسان روی شاخه انتخاب و این صفات اندازه‌گیری شدند. میانگین وزن تک خوشه و وزن تک جبه نیز از توزین چهار عدد خوشه و ۱۰۰ عدد جبه به دست آمد. برای اندازه‌گیری درصد جوانه‌زنی دانه گرده، خوشه‌های ارقام مختلف انگور در زمان ۵۰ الی ۴۵ درصد گلدهی از بوته جدا شدند. گرده‌ها روی محیط یک درصد آگار همراه با پنج درصد ساکارز کشت و به مدت یک شبانه‌روز در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. سپس در هفت میدان دید میکروسکوپ تعداد دانه‌های جوانه‌زده و تعداد کل، شمارش و درصد جوانه‌زنی محاسبه گردید (Sharafi and Bahmani, 2011).

برای محاسبه درصد تشکیل میوه از دو روش کیسه‌گذاری (گرده‌افشانی کنترل شده) و بدون کیسه‌گذاری (گرده‌افشانی آزاد) استفاده شد. در حالت گرده‌افشانی آزاد سه عدد خوشه از هر رقم (با اندازه و موقعیت تقریباً مشابه) انتخاب شد و تعداد کالیپترا و جبه‌های تشکیل شده شمارش گردید. در حالت

Tritipyrum ایرانی تحت تنش شوری به روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) پیش‌بینی شد (Roudbari et al., 2017). در تحقیقی دیگر ارزش اصلاحی ۲۸ ژنوتیپ هلو با استفاده از روش BLUP پیش‌بینی گردید (de Souza et al., 2000). چندین مطالعه دیگر در زمینه برآورد ارزش اصلاحی درختان میوه مانند گردو (Martinez-Garcia et al., 2017)، هلو (Imai et al., 2016)، مرکبات (Fresnedo-Ramirez et al., 2016) و انبه (Hardner et al., 2012) انجام و گزارش شده است. هدف از این پژوهش برآورد ارزش اصلاحی ارقام انگور آذربایجان غربی و شناسایی ارقام برتر بود. نتایج حاصل از این پژوهش می‌تواند به به‌نژادگران در انتخاب ارقام انگور با صفات مطلوب بازارپسند و ارقام با عملکرد بهتر کمک اساسی نماید.

## مواد و روش‌ها

### مواد گیاهی و صفات مورد ارزیابی

در این تحقیق از ۴۵ رقم انگور (Rezghi, Hosseini, Tabarze Sefid, Saghal Solian, At Ouzum, Lal Seyah, Seyah Sardasht, Garmian, Maitemo, Rishbaba Qermez, Taifi, Keshmeshi Qermez, Fakhri, Shahroudi, Qara Shani, Sahebi Qermez, Inah Amjai, Tabarze Qermez, Dastarchin, Rishbaba Sefid, Agh Melhi, Goi Melki, Sayani, Kalati, Mam Braime, Bol Mazu, Lal Qermez, Sefid Shakh Shakh, Alhaghi, Askari, Keshmeshi sefid, Rejin, Sarghola, Chava Ga, Yaghoti, Qara Gandoma, Gazandaii, Qzl Ouzum, Agh Shani, Jig Jiga, Lal Sefid, Klkarevi, Sachakh, Shirazi, Angotka موجود در کلکسیون مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان غربی استفاده گردید. مشخصات ارقام در (Razi et al., 2018) ذکر شده است. کشت اولیه‌ی ارقام در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار انجام گرفته است. ارزیابی صفات در سه سال متوالی (سال‌های ۹۴، ۹۵ و ۹۶) انجام گرفت. از هر کدام از ارقام در سال اول تحقیق ده بوته ۱۴ ساله انتخاب و صفات: مواد جامد محلول میوه، اسیدیته میوه، pH میوه، وزن تک بذر، تعداد بذر، عرض خوشه، طول خوشه، وزن خوشه، درصد تشکیل میوه در حالت گرده‌افشانی

گرفته‌افشانی کنترل شده سه عدد خوشه از هر رقم (با اندازه و موقعیت تقریباً مشابه) انتخاب و کیسه‌گذاری شدند تا از گرده‌افشانی ناخواسته جلوگیری شود. سپس تعداد کالیپترا و تعداد جبه‌های تشکیل شده شمارش گردید. در هر دو حالت گرده‌افشانی آزاد و کنترل شده درصد تشکیل میوه از فرمول زیر محاسبه گردید.

درصد تشکیل میوه (درصد) = تعداد جبه/تعداد گل  $\times 100$

### ثبت ژنوتیپی ارقام انگور با نشانگرهای REMAP

در آزمایش مولکولی، پروفیل مولکولی ارقام مورد مطالعه با ۴۲ آغازگر REMAP تهیه شدند. نام، مشخصات و توالی آغازگرها در Razi et al. (2020) ذکر شده است. استخراج DNA ژنومی به روش CTAB بر اساس روش Doyle and Doyle (1990) انجام شد. واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مرز در حجم نهایی ۲۰ میکرولیتر، حاوی ۳۰ نانوگرم DNA ژنومی، دو میکرولیتر بافر PCR (۱۰x)، ۰/۷ میکرولیتر کلرید منیزیم ۵۰ میلی‌مولار (شرکت سیناژن، تهران، ایران)، ۰/۲۵ میلی‌مول از هر dNTP، ۱/۱ واحد آنزیم تگ پلی‌مرز (شرکت سیناژن، تهران، ایران) و ده میکرومول از هر آغازگر به همراه آب دیونیزه در دستگاه ترموسایکلر (Mastercycler 5331, Eppendorf) انجام گرفت. برنامه دمایی PCR به صورت: چهار دقیقه واسرشته‌سازی اولیه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد و ۳۶ چرخه شامل ۳۰ ثانیه در ۹۴ درجه سانتی‌گراد (جهت واسرشته‌سازی)، ۳۰ ثانیه در دمای اتصال اختصاصی مربوط به هر آغازگر (جهت اتصال آغازگر) و دو دقیقه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد (جهت بسط) و بسط نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ده دقیقه بود. به منظور تفکیک محصولات PCR مربوط به نشانگرهای REMAP از ژل آگارز ۱/۷ درصد استفاده شد. الگوی باندهای حاصل، براساس وجود یا عدم وجود باندهای نمونه‌ها، به صورت یک و صفر امتیازدهی شدند.

### تجزیه داده‌ها

تجزیه واریانس صفات بعد از بررسی مفروضات اساسی تجزیه واریانس در قالب مدل آماری طرح بلوک‌های کامل تصادفی با رویه مدل خطی عمومی

(GLM) در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام شد. از آنجایی که میانگین تکرارهای هر ژنوتیپ در هر سال در دسترس بود تجزیه واریانس با در نظر گرفتن سال به عنوان تکرار (بلوک) انجام گرفت. برای بررسی کارایی تجزیه داده‌ها در قالب مدل آماری طرح بلوک‌های کامل تصادفی به تجزیه داده‌ها در قالب مدل آماری طرح کاملاً تصادفی، کارایی نسبی (Relative efficiency) محاسبه شد. مقایسه میانگین صفات با استفاده از آزمون توکی در سطح احتمال پنج درصد در نرم‌افزار SAS انجام شد. تجزیه خوشه‌ای ارقام انگور بر اساس میانگین صفات پومولوژیک بعد از استاندارد کردن داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار Rstudio با بسته آماری d3heatmap انجام شد. تخمین ارزش اصلاحی ارقام انگور در ارتباط با هر یک از صفات مورد مطالعه به روش بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) در قالب مدل خطی مخلوط (Bernardo, 2010) انجام گرفت. در حالت کلی ساختار مدل خطی مخلوط به شکل زیر می‌باشد:

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

که در آن Y بردار مشاهدات، u و b به ترتیب بردارهای اثرات ثابت و تصادفی، X و Z به ترتیب ماتریس‌های تلاقی (Incidence matrices) و e بردار باقی‌مانده تصادفی هست. اثرات ثابت می‌توانند توسط بهترین برآورد ناریب خطی (BLUE) برآورد شوند، در حالی که اثرات تصادفی از طریق بهترین پیش‌بینی ناریب خطی (BLUP) برآورد می‌شوند. بردارهای u و e (اثرات تصادفی) دارای توزیع نرمال با میانگین صفر و واریانس  $\text{Var} \begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$  هستند که در آن  $R = \text{Var}(e) = \sigma_e^2 I_n$  و  $G = \text{Var}(u) = \sigma_u^2 I_t$  هستند و اندیس t و n در ماتریس‌های واحد (I) به ترتیب تعداد سطوح اثر تصادفی (تیمار یا ژنوتیپ) و تعداد مشاهدات را نشان می‌دهند (Yang, 2010).  $\sigma_e^2$  و  $\sigma_u^2$  به ترتیب واریانس اثر تصادفی و واریانس باقی‌مانده هستند. در عمل BLUE و BLUP باید با BLUE و BLUP تجربی (Empirical) جایگزین شوند، به این

ماتریس خویشاوندی یا Kinship بین ارقام در نرم‌افزار TASSEL محاسبه شد. از دو برابر ماتریس Kinship (K) به جای ماتریس روابط خویشاوندی (ماتریس ارتباط افزایشی یا ماتریس ضرایب همخونی) (A) در مدل خطی مخلوط استفاده شد. کلیه محاسبات مربوط به ارزش اصلاحی در قالب برنامه نوشته شده در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام گرفت. آزمون برابری برآورد ارزش‌های اصلاحی با صفر با آماره t انجام گرفت.

وراثت‌پذیری خصوصی صفات با استفاده از فرمول

زیر محاسبه شد:

$$h_{ns}^2 = \frac{\delta_A^2}{\delta_P^2} \quad \text{رابطه (۴)}$$

که در آن  $\delta_A^2$ ، واریانس افزایشی و  $\delta_P^2$ ، واریانس فنوتیپی می‌باشد. واریانس فنوتیپی از حاصل جمع واریانس ژنوتیپی ( $\delta_g^2$ ) و واریانس محیطی ( $\delta_e^2$ ) محاسبه شد (Fehr, 1991). واریانس افزایشی از محاسبه واریانس بین ارزش‌های اصلاحی برآورد گردید (Fehr, 1991). واریانس ژنوتیپی و محیطی از امید ریاض میانگین مربعات در جدول تجزیه واریانس برآورد شدند. (Fehr, 1991). به منظور گروه‌بندی ارقام براساس ارزش‌های اصلاحی از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس Ward در نرم‌افزار Minitab 18 استفاده شد. برای تعیین تعداد خوشه‌ها از روش گسیختگی بر اساس تغییر ناگهانی در اختلاف دو فاصله ادغام متوالی استفاده شد (Jamshidi Golan et al., 2015).

### نتایج و بحث

با ۴۲ آغازگر REMAP، در کل ۳۲۸ مکان تکثیر شدند که ۳۱۳ مکان چند شکل بودند. کمترین مکان چندشکل مربوط به آغازگرهای Tv1Fa-873، Vine1-811، Gret1Ra-855 و Tv1Fa-890 با چهار مکان و بیشترین مکان چندشکل مربوط به آغازگر Vine1Ra-841 با ۱۲ مکان بود. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که در تمام صفات بین ارقام اختلاف معنی‌داری در سطح یک درصد وجود دارد که دلیل بر وجود تنوع

معنی که اجزای واریانس در G و R باید با برآوردهایشان جایگزین شوند که ترجیحاً با حداکثر درست‌نمایی محدود شده (Restricted maximum likelihood (REML)) برآورد می‌شوند (Patterson and Thompson, 1971). BLUE و BLUP از طریق حل معادلات مدل مخلوط محاسبه می‌شوند که توسط هندرسون (Henderson, 1990) ارائه شده است.

رابطه (۲)

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

در اینجا؛  $R = \sigma_e^2 I_n$ ؛  $G = \sigma_u^2 I_t$ ؛ با ضرب طرفین معادلات هندرسون در  $\sigma_e^2$  (Foulley, 2015) و در نظر گرفتن تعداد متفاوت تکرار ژنوتیپ‌ها، معادلات هندرسون در بحث برآورد ارزش‌های اصلاحی به شکل زیر در خواهند آمد (Bernardo, 2010).

رابطه (۳)

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

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

که در آن؛  $Var(u) = \sigma_u^2 I_t \approx AV_A$  و  $Var(e) = \sigma_e^2 I_n \approx \mathbf{r}_n \sigma_e^2$  ماتریس  $t \times t$  (تعداد ژنوتیپ) ضرایب خویشاوندی است که درجه کوواریانس ژنتیکی بین افراد را نشان می‌دهد.  $\mathbf{r}$  یک ماتریس واحد (Identity matrix) است؛ اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها یکسان باشد. اما اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها متفاوت باشد؛  $\mathbf{r}$  یک ماتریس  $n \times n$  (n: تعداد مشاهدات) با عناصر خارج قطری صفر و عناصر روی قطر برابر عکس تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها (مثلاً عکس تعداد تکرار ژنوتیپ یک در مجموعه‌ی (سال  $\times$  مکان) اول، ....) است.  $V_e$  و  $V_A$  به ترتیب واریانس ژنتیکی و واریانس باقی‌مانده هستند.

برای انجام محاسبات (تخمین ارزش‌های اصلاحی صفات)؛ ابتدا میانگین‌های صفات مورد بررسی برای تمامی ارقام در هر یک از سال‌ها (مجموعه‌ها) محاسبه شد. سپس با استفاده از داده‌های مولکولی (نشانگرهای REMAP)

بالایی مشاهده شد. هفت صفت دیگر شامل pH، درصد جوانه‌زنی دانه‌گرده، درصد مواد جامد محلول، عرض خوشه، تعداد بذر، درصد تشکیل میوه در حالت گرده‌افشانی آزاد و کنترل شده در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه همبستگی بالایی نشان دادند (شکل ۱A). بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ارقام مورد بررسی در پنج خوشه گروه‌بندی شدند (شکل ۱A).

نتایج ارزش اصلاحی برای صفات مختلف در ارقام مورد مطالعه در جدول ۲ مشخص شده است. با در نظر گرفتن رتبه‌های ارزش‌های اصلاحی تمام صفات مورد مطالعه در هر رقم، ارقام آق‌شانی، طائفی، قزل اوزوم، لعل قرمز، تبرزه قرمز، گرمیان، ریش بابا قرمز و قره‌شانی برترین رتبه را داشتند و به‌عنوان ارقامی که بالاترین ارزش اصلاحی را داشتند، شناخته شدند. ارقام عسکری، رَجین، سفید شیخ، حَسینی و گوی ملکی نیز پایین‌ترین رتبه را در بین ارقام مورد مطالعه داشتند. بنابراین با توجه به نتایج ارائه شده ارقام آق‌شانی، طائفی، قزل اوزوم، لعل قرمز، تبرزه قرمز، گرمیان، ریش بابا قرمز و قره‌شانی با بیشترین ارزش اصلاحی، بالاترین توان انتقال صفات خود به نسل بعد را دارند و ارقام عسکری، رَجین، سفید شیخ، حَسینی و گوی ملکی نیز با کمترین ارزش اصلاحی، پایین‌ترین توان انتقال صفات خود به نسل بعد را دارند. کیفیت انگور به میزان مختلفی از ترکیبات شیمیایی حبه شامل اسیدهای آلی، قندها و ترکیبات فنولیک و تعادل بین آن‌ها ناشی می‌شود (Zerihun et al., 2015). میزان مواد جامد محلول از شاخص‌های مهم کیفی است و مصرف‌کنندگان میوه‌های رسیده با میزان بالای TSS را ترجیح می‌دهند (Burdon et al., 2004). در مطالعه حاضر رقم کشمش سفید بالاترین ارزش اصلاحی برای TSS و رقم کلکه‌ریوی بالاترین ارزش اصلاحی را برای اسیدیته میوه داشتند.

بی‌دانگی مهم‌ترین ویژگی کیفی برای انگورهای رومیزی و کشمش می‌باشد (Ledbetter and Ramming, 1989).

نتایج برخی مطالعات مولکولی نشان می‌دهد که صفت بکرباری کاذب یک صفت پلی‌ژنیک است (Ledbetter et al., 1994). کاهش تعداد بذر بدون تغییر در اندازه

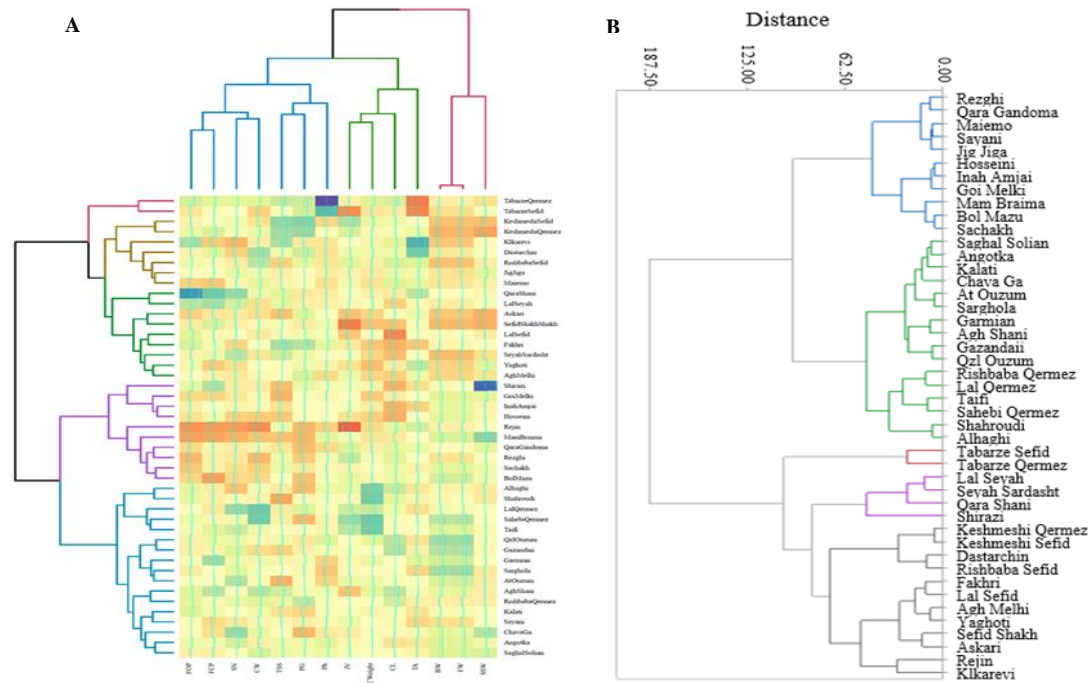
در صفات مورد بررسی است (جدول ۱). براساس نتایج، طرح بلوک نسبت به طرح کاملاً تصادفی از نظر اکثر صفات مورد بررسی سودمند می‌باشد. در تحقیقی مشابه از تجزیه واریانس برای بررسی تنوع در کلون‌های انگور حاصل از منطقه Kreaea و ارقام محلی Banat بر اساس صفات وزن خوشه و وزن حبه، عملکرد، TSS، TA و نسبت قند به اسید استفاده گردید. نتایج حاصل از تجزیه واریانس و تجزیه کلاستر نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین کلون‌های مورد مطالعه وجود دارد (Rakonjac et al., 2010). میانگین صفات میوه ارقام مورد بررسی، در جدول ۲ آمده است. تفاوت معنی‌داری بین ارقام مورد مطالعه از لحاظ صفات ارزیابی شده دیده شد. رقم تبرزه سفید و تبرزه قرمز از لحاظ اسیدیته مقدار کمتر و از لحاظ pH مقدار بیشتری را نشان دادند. رقم کلکه‌ریوی از لحاظ اسیدیته مقدار بیشتری را در بین سایر ارقام نشان داد. مطالعات نشان داده‌اند علاوه بر زمان رسیدن، کارایی ژنتیکی رقم‌ها نیز تأثیر بسزایی در تولید قند میوه دارد (Wu Dai et al., 2011). رقم شیرازی از لحاظ وزن تک بذر نسبت به سایر ارقام مقدار بیشتری داشت. از لحاظ حجم آب میوه رقم رَجین کمترین مقدار را داشت و از لحاظ درصد تشکیل میوه در حالت گرده‌افشانی آزاد رقم قره‌شانی بیشترین مقدار و ارقام رَجین و مام برای کمترین مقدار را نشان دادند (جدول ۱). علت پایین بودن درصد تشکیل میوه در دو رقم رَجین و مام برای احتمالاً ناشی از عدم جوانه‌زنی دانه‌های گرده است. یکی از دلایل پایین بودن تشکیل میوه در رقم انگور بیکولیت عدم جوانه‌زنی دانه‌گرده به‌واسطه عدم وجود شیار و منافذ جوانه‌زنی در ساختمان گرده‌ها می‌باشد و میوه‌های تشکیل شده در این رقم ناشی از گرده‌افشانی آزاد با ارقام دیگر است (Lombardo et al., 1978). بین صفات وزن حبه، وزن گوشت میوه و وزن تک بذر در ارقام مورد مطالعه همبستگی بالایی مشاهده شد. بین صفات حجم آب میوه، اسیدیته، طول خوشه و وزن خوشه نیز در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه همبستگی



**Table 1. Analysis of variance for characters of studied grape cultivars**

SOV	df	MS													
		TSS	pH	TA	BW	FW	SSW	SN	JV	FSOP	PG	CL	CW	Cwei	FSCP
Replication	2	13.85*	3.15**	0.53**	2.67**	3.25**	0.01**	0.14	70.11**	31.31	102.46**	14.38	0.18	706338.82**	120.99
Cultivar	44	14.29**	0.43**	0.18**	3.31**	3.15**	0.002**	0.91**	49.68**	364.89**	820.00**	31.29**	14.77**	63845.16**	351.28**
Error	88	4.11	0.14	0.09	0.29	0.29	0.0004	0.13	1.86	40.32	12.67	10.54	4.17	30073.12	113.51
Coefficient of Variation (%)	-	10.55	11.03	44.86	17.06	17.72	41.25	16.51	3.22	19.83	12.82	16.67	20.26	31.80	41.88
Relative Efficiency (%)	-	105.21	149.56	110.27	118.19	122.44	149.93	100.27	181.28	99.46	115.70	100.76	97.83	149.90	100.10

TSS: Total soluble solids, TA: Titratable acidity, BW: Berry weight, FW: Flesh weight, SSW: Single seed weight, SN: Seed number, JV: Juice volume, FSOP: Fruit set in open pollination, PG: Pollen germination, CL: Cluster length, CW: Cluster width, Cwei: Cluster weight, FSCP: Fruit set under controlled pollination. \*\*: significantly differences at 1% of probability levels.



**Fig 1. (A) Dendrogram obtained by cluster analysis of 45 grape cultivar based on morphological traits. (B) Clustering of grape cultivars by Ward method based on breeding value of studied pomological traits.**

**Table 2. Means Comparison and estimates of breeding value for the studied traits in grape cultivars by mixed linear model based on REMAP markers**

Cultivar	TSS		pH		TA		BW		FW	
	BV	Mean	BV	Mean	BV	Mean	BV	Mean	BV	Mean
Rezghi	1.5	20.3 <sup>a-e</sup>	0.1	3.4 <sup>bc</sup>	0.0	0.7 <sup>ab</sup>	-1.0	2.3 <sup>h-m</sup>	-1.1	2.2 <sup>g-l</sup>
Hosseini	-1.5	16.4 <sup>b-e</sup>	-0.0	3.3 <sup>bc</sup>	0.0	0.6 <sup>ab</sup>	0.3	3.9 <sup>a-i</sup>	0.4	3.8 <sup>a-h</sup>
Tabarze Sefid	1.0	19.7 <sup>a-e</sup>	0.8 <sup>**</sup>	4.3 <sup>ab</sup>	-0.2	0.1 <sup>b</sup>	-1.1 <sup>*</sup>	2.2 <sup>i-m</sup>	-1.1 <sup>*</sup>	2.1 <sup>h-l</sup>
Saghal Solian	1.5	20.5 <sup>a-e</sup>	0.2	3.5 <sup>bc</sup>	-0.0	0.6 <sup>ab</sup>	0.4	4.1 <sup>a-g</sup>	0.3	3.9 <sup>a-g</sup>
At Ouzum	-1.9	15.6 <sup>de</sup>	-0.2	2.9 <sup>c</sup>	0.0	0.7 <sup>ab</sup>	0.7	4.2 <sup>a-e</sup>	0.7	4.1 <sup>a-e</sup>
Lal Seyah	1.7	20.8 <sup>a-e</sup>	-0.0	3.1 <sup>bc</sup>	-0.0	0.6 <sup>ab</sup>	-0.8	2.6 <sup>d-m</sup>	-0.8	2.5 <sup>d-l</sup>
Seyah Sardasht	1.7	21.8 <sup>a-e</sup>	0.0	3.3 <sup>bc</sup>	0.0	0.6 <sup>ab</sup>	-1.7 <sup>**</sup>	1.6 <sup>m</sup>	-1.6 <sup>**</sup>	1.5 <sup>kl</sup>
Garmian	-0.1	18.5 <sup>a-e</sup>	-0.2	2.8 <sup>c</sup>	0.1	0.8 <sup>ab</sup>	0.7	4.3 <sup>a-d</sup>	0.7	4.2 <sup>a-d</sup>
Maiemo	-0.1	18.4 <sup>a-e</sup>	-0.1	2.9 <sup>c</sup>	0.0	0.8 <sup>ab</sup>	-1.0	2.4 <sup>f-m</sup>	-1.0	2.3 <sup>f-l</sup>
Rishbaba Qermez	1.3	20.6 <sup>a-e</sup>	0.1	3.4 <sup>bc</sup>	-0.1	0.5 <sup>ab</sup>	-0.7	2.6 <sup>d-m</sup>	-0.6	2.5 <sup>d-l</sup>
Taifi	0.6	19.6 <sup>a-e</sup>	0.0	3.2 <sup>bc</sup>	-0.0	0.6 <sup>ab</sup>	0.6	4.1 <sup>a-g</sup>	0.5	4 <sup>a-g</sup>
Keshmeshi Qermez	3.3 <sup>*</sup>	23.3 <sup>a</sup>	0.0	3.2 <sup>bc</sup>	0.1	0.8 <sup>ab</sup>	-1.9 <sup>**</sup>	1.4 <sup>m</sup>	-1.8 <sup>**</sup>	1.4 <sup>l</sup>
Fakhri	2.8 <sup>*</sup>	23.1 <sup>ab</sup>	0.2	3.6 <sup>bc</sup>	-0.1	0.3 <sup>ab</sup>	-0.5	2.9 <sup>c-m</sup>	-0.5	2.8 <sup>c-l</sup>
Shahroudi	-2.3	15.1 <sup>e</sup>	0.1	3.4 <sup>bc</sup>	-0.0	0.6 <sup>ab</sup>	-0.5	2.9 <sup>c-l</sup>	-0.5	2.8 <sup>c-l</sup>
Qara Shani	2.0	21 <sup>a-e</sup>	-0.0	3.1 <sup>bc</sup>	0.1	1.0 <sup>ab</sup>	-0.2	3.1 <sup>a-l</sup>	-0.3	3.0 <sup>b-l</sup>
Sahebi Qermez	-0.4	18.3 <sup>a-e</sup>	-0.0	3.2 <sup>bc</sup>	0.0	0.6 <sup>ab</sup>	1.0	4.7 <sup>abc</sup>	1.1	4.5 <sup>abc</sup>
Inah Amjai	-0.9	17.6 <sup>a-e</sup>	0.0	3.3 <sup>bc</sup>	-0.1	0.4 <sup>ab</sup>	0.2	3.8 <sup>a-j</sup>	0.3	3.7 <sup>a-i</sup>
Tabarze Qermez	2.3	22.1 <sup>a-d</sup>	1.1 <sup>**</sup>	5.0 <sup>a</sup>	-0.2 <sup>*</sup>	0.1 <sup>b</sup>	-0.7	2.7 <sup>d-m</sup>	-0.7	2.6 <sup>d-l</sup>
Dastarchin	1.4	20.0 <sup>a-e</sup>	-0.1	3.0 <sup>c</sup>	0.2	1.2 <sup>a</sup>	-1.1	2.5 <sup>e-m</sup>	-1.0	2.4 <sup>e-l</sup>
Rishbaba Sefid	-1.1	16.8 <sup>a-e</sup>	-0.0	3.1 <sup>c</sup>	0.1	0.9 <sup>ab</sup>	-1.6 <sup>**</sup>	1.6 <sup>m</sup>	-1.6 <sup>**</sup>	1.6 <sup>ijkl</sup>
Agh Melhi	1.1	19.6 <sup>a-e</sup>	-0.1	2.9 <sup>c</sup>	0.1	0.8 <sup>ab</sup>	-1.3 <sup>*</sup>	2.1 <sup>j-m</sup>	-1.3 <sup>*</sup>	2 <sup>i-l</sup>
Goi Melki	-2.1	15.6 <sup>de</sup>	-0.0	3.2 <sup>bc</sup>	-0.0	0.7 <sup>ab</sup>	0.4	4.1 <sup>a-h</sup>	0.4	3.9 <sup>a-h</sup>
Sayani	-0.0	18.6 <sup>a-e</sup>	0.1	3.2 <sup>bc</sup>	-0.1	0.4 <sup>ab</sup>	-1.1	2.3 <sup>h-m</sup>	-1.1	2.2 <sup>g-l</sup>
Kalati	-0.9	17.3 <sup>a-e</sup>	0.1	3.4 <sup>bc</sup>	-0.1	0.4 <sup>ab</sup>	-0.0	3.4 <sup>a-l</sup>	0.0	3.3 <sup>a-j</sup>
Mam Braime	-1.4	16.1 <sup>de</sup>	0.2	3.6 <sup>bc</sup>	0.0	0.7 <sup>ab</sup>	0.5	4.2 <sup>a-f</sup>	0.5	4.1 <sup>a-f</sup>
Bol Mazu	0.7	19.1 <sup>a-e</sup>	0.2	3.4 <sup>bc</sup>	-0.0	0.7 <sup>ab</sup>	0.7	4.3 <sup>a-d</sup>	0.7	4.2 <sup>a-d</sup>
Lal Qermez	-0.4	18.2 <sup>a-e</sup>	0.2	3.2 <sup>bc</sup>	-0.1	0.4 <sup>ab</sup>	0.0	3.5 <sup>a-k</sup>	-0.0	3.3 <sup>a-j</sup>
Sefid Shakh Shakh	1.2	19.9 <sup>a-e</sup>	0.2	3.5 <sup>bc</sup>	-0.0	0.6 <sup>ab</sup>	-1.9 <sup>**</sup>	1.4 <sup>m</sup>	-1.8 <sup>**</sup>	1.4 <sup>kl</sup>
Alhaghi	-0.8	18.1 <sup>a-e</sup>	0.1	3.5 <sup>bc</sup>	-0.1	0.5 <sup>ab</sup>	-0.6	2.8 <sup>d-m</sup>	-0.5	2.7 <sup>d-l</sup>
Askari	-1.5	16.2 <sup>cde</sup>	0.0	3.3 <sup>bc</sup>	0.1	0.8 <sup>ab</sup>	-1.6 <sup>**</sup>	1.7 <sup>klm</sup>	-1.5 <sup>**</sup>	1.7 <sup>ijkl</sup>
Keshmeshi sefid	3.5 <sup>**</sup>	23.5 <sup>a</sup>	-0.1	2.9 <sup>c</sup>	0.0	0.7 <sup>ab</sup>	-1.6 <sup>**</sup>	1.6 <sup>lm</sup>	-1.5 <sup>**</sup>	1.6 <sup>ijkl</sup>
Rejin	1.6	20.4 <sup>a-e</sup>	-0.2	2.8 <sup>c</sup>	0.2	0.9 <sup>ab</sup>	-0.7	2.7 <sup>d-m</sup>	-0.7	2.6 <sup>d-l</sup>
Sarghola	0.2	19.3 <sup>a-e</sup>	-0.3	2.8 <sup>c</sup>	-0.1	0.4 <sup>ab</sup>	1.3 <sup>*</sup>	5.0 <sup>a</sup>	1.4 <sup>*</sup>	4.9 <sup>a</sup>
Chava Ga	0.4	19.5 <sup>a-e</sup>	-0.1	3.1 <sup>c</sup>	0.0	0.7 <sup>ab</sup>	0.4	4.1 <sup>a-h</sup>	0.3	3.7 <sup>a-i</sup>
Yaghoti	0.3	19.6 <sup>a-e</sup>	-0.0	3.2 <sup>bc</sup>	0.1	1.0 <sup>ab</sup>	-1.3 <sup>*</sup>	2.1 <sup>j-m</sup>	-1.3 <sup>*</sup>	1.9 <sup>ijkl</sup>
Qara Gandoma	-0.6	17.8 <sup>a-e</sup>	-0.1	2.9 <sup>c</sup>	0.0	0.8 <sup>ab</sup>	-0.3	3.1 <sup>c-l</sup>	-0.4	2.9 <sup>c-l</sup>
Gazandaii	-0.8	16.8 <sup>a-e</sup>	0.1	3.4 <sup>bc</sup>	-0.1	0.5 <sup>ab</sup>	1.1 <sup>*</sup>	4.8 <sup>ab</sup>	1.1 <sup>*</sup>	4.7 <sup>ab</sup>
Qzl Ouzum	1.3	20.3 <sup>a-e</sup>	0.3	3.6 <sup>bc</sup>	-0.1	0.5 <sup>ab</sup>	1.3 <sup>*</sup>	5.1 <sup>a</sup>	1.3 <sup>*</sup>	4.9 <sup>a</sup>
Agh Shani	2.0	21.6 <sup>a-e</sup>	0.1	3.5 <sup>bc</sup>	0.1	0.7 <sup>ab</sup>	0.3	3.9 <sup>a-l</sup>	0.3	3.8 <sup>a-h</sup>
Jig Jiga	-0.1	18.3 <sup>a-e</sup>	-0.0	3.1 <sup>c</sup>	0.0	0.7 <sup>ab</sup>	-1.0	2.4 <sup>g-m</sup>	-1.1	2.2 <sup>g-l</sup>
Lal Sefid	-0.1	18.7 <sup>a-e</sup>	0.1	3.4 <sup>bc</sup>	0.0	0.7 <sup>ab</sup>	-0.4	3.1 <sup>c-l</sup>	-0.3	2.9 <sup>b-l</sup>
Klkarevi	3.1 <sup>*</sup>	22.9 <sup>abc</sup>	-0.1	3.1 <sup>c</sup>	0.3 <sup>*</sup>	1.3 <sup>a</sup>	-1.6 <sup>**</sup>	1.7 <sup>klm</sup>	-1.5 <sup>**</sup>	1.7 <sup>ijkl</sup>
Sachakh	1.6	20.7 <sup>a-e</sup>	0.1	3.2 <sup>bc</sup>	-0.1	0.5 <sup>ab</sup>	0.3	3.9 <sup>a-l</sup>	0.4	3.8 <sup>a-h</sup>
Shirazi	-1.4	15.9 <sup>de</sup>	0.1	3.4 <sup>bc</sup>	-0.1	0.4 <sup>ab</sup>	0.0	3.5 <sup>a-k</sup>	-0.1	3.2 <sup>a-k</sup>
Angotka	0.6	20.2 <sup>a-e</sup>	0.1	3.6 <sup>bc</sup>	-0.1	0.5 <sup>ab</sup>	0.5	4.1 <sup>a-g</sup>	0.5	3.9 <sup>a-g</sup>

Narrow sense heritability % 48.92 44.51 22.24 83.96 82.05  
 BV: Breeding value, TSS: Total soluble solids, TA: Titratable acidity, BW: Berry weight, FW: Flesh weight, SSW: Single seed weight, SN: seed number, JV: Juice volume, FSOP: Fruit set in open pollination, PG: Pollen germination, CL: Cluster length, CW: Cluster width, Cwei: Cluster weight, FSCP: Fruit set under controlled pollination. \* and \*\*: significantly differences at 5 and 1% of probability levels, respectively. Columns with same letters are not significantly different in the 5% probability level.

**Table 2. Continued Means Comparison and estimates of breeding value for the studied traits in grape cultivars by mixed linear model based on REMAP markers**

Cultivar	SSW		SN		JV		FSOP		PG	
	BV	Mean	BV	Mean	BV	Mean	BV	Mean	BV	Mean
Rezghi	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.4	1.8 <sup>d-j</sup>	3.2	47.6 <sup>a-d</sup>	-18.8 <sup>**</sup>	14.5 <sup>ijk</sup>	-21.1 <sup>*</sup>	7.9 <sup>u</sup>
Hosseini	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	-0.7 <sup>*</sup>	1.5 <sup>g-j</sup>	-4.6 <sup>*</sup>	39.3 <sup>lmn</sup>	-9.9	23.4 <sup>d-k</sup>	0.4	29.6 <sup>i-p</sup>
Tabarze Sefid	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.2	2.1 <sup>a-j</sup>	-10.2 <sup>**</sup>	33.6 <sup>opq</sup>	-9.9	25.0 <sup>d-k</sup>	17.3 <sup>*</sup>	47.0 <sup>c-f</sup>
Saghal Solian	0.0	0.1 <sup>bcd</sup>	-0.2	2.1 <sup>a-j</sup>	-0.7	43.5 <sup>d-l</sup>	-7.5	27.3 <sup>c-k</sup>	4.9	34.2 <sup>g-m</sup>
At Ouzum	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	0.5	2.9 <sup>abc</sup>	0.3	44.6 <sup>c-j</sup>	-2.5	32.5 <sup>b-i</sup>	-3.2	26.1 <sup>k-r</sup>
Lal Seyah	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	0.3	2.7 <sup>a-f</sup>	-2.7	41.4 <sup>h-m</sup>	11.4	47.9 <sup>abc</sup>	-8.4	20.9 <sup>n-s</sup>
Seyah Sardasht	-0.0	0.0 <sup>c-f</sup>	0.4	2.9 <sup>a-d</sup>	-0.8	43.3 <sup>d-l</sup>	-6.2	28.6 <sup>c-k</sup>	6.1	35.7 <sup>e-k</sup>
Garmian	-0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	0.0	2.4 <sup>a-i</sup>	-2.8	41.3 <sup>h-m</sup>	0.1	34.7 <sup>b-i</sup>	5.2	34.9 <sup>g-m</sup>
Maiemo	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	-0.4	2 <sup>c-j</sup>	-0.1	44 <sup>c-k</sup>	-13.1 <sup>*</sup>	20.1 <sup>f-k</sup>	-4.3	24.9 <sup>k-r</sup>
Rishbaba Qermez	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	0.1	2.5 <sup>a-h</sup>	-1.4	42.6 <sup>e-l</sup>	4.8	40.5 <sup>b-g</sup>	20.5 <sup>*</sup>	50.2 <sup>bcd</sup>
Taifi	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	0.3	2.8 <sup>a-d</sup>	3.9	48.4 <sup>abc</sup>	-1.0	35.1 <sup>b-i</sup>	1.5	31.0 <sup>h-o</sup>
Keshmeshi Qermez	-0.0 <sup>**</sup>	0.0 <sup>f</sup>	-0.1	2.2 <sup>a-i</sup>	2.0	46.5 <sup>a-f</sup>	1.5	38.2 <sup>b-h</sup>	30.1 <sup>**</sup>	60.3 <sup>ab</sup>
Fakhri	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.6 <sup>*</sup>	1.5 <sup>g-j</sup>	-4.1	40 <sup>k-n</sup>	7.6	43.6 <sup>bcd</sup>	23.2 <sup>**</sup>	53.1 <sup>abc</sup>
Shahroudi	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	-0.3	2.0 <sup>b-j</sup>	-2.7	41.3 <sup>h-m</sup>	4.1	39 <sup>b-h</sup>	-5.7	23.5 <sup>l-r</sup>
Qara Shani	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	0.7 <sup>*</sup>	3.1 <sup>ab</sup>	-1.2	43 <sup>e-l</sup>	29.7 <sup>**</sup>	67.7 <sup>a</sup>	-11.1	18.1 <sup>p-t</sup>
Sahebi Qermez	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.1	2.3 <sup>a-i</sup>	5.7 <sup>**</sup>	50.2 <sup>a</sup>	0.9	38.5 <sup>b-h</sup>	-26.5 <sup>**</sup>	2.5 <sup>u</sup>
Inah Amjai	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	-0.3	1.9 <sup>c-j</sup>	-0.6	43.5 <sup>d-l</sup>	-6.1	27.9 <sup>c-k</sup>	-1.1	28.2 <sup>j-r</sup>
Tabarze Qermez	-0.0	0.0 <sup>c-f</sup>	0.2	2.6 <sup>a-g</sup>	-3.4	40.6 <sup>f-n</sup>	8.1	44.1 <sup>bcd</sup>	18.1 <sup>*</sup>	47.6 <sup>cde</sup>
Dastarchin	-0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.7 <sup>*</sup>	1.5 <sup>g-j</sup>	0.1	44.3 <sup>c-k</sup>	-5.6	28.5 <sup>c-k</sup>	19.1 <sup>*</sup>	48.4 <sup>bcd</sup>
Rishbaba Sefid	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	-0.4	1.8 <sup>c-j</sup>	1.6	46 <sup>a-g</sup>	1.5	37.2 <sup>b-h</sup>	10.6	40.1 <sup>d-i</sup>
Agh Melhi	-0.0	0.0 <sup>c-f</sup>	-0.4	1.8 <sup>c-j</sup>	0.1	44.4 <sup>c-k</sup>	-2.5	31.8 <sup>b-j</sup>	15.1	44.7 <sup>c-g</sup>
Goi Melki	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.5	1.8 <sup>d-j</sup>	-1.9	42.3 <sup>f-l</sup>	-13.7 <sup>*</sup>	21.13 <sup>f-k</sup>	0.0	29.5 <sup>i-q</sup>
Sayani	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.4	1.8 <sup>c-j</sup>	0.5	44.7 <sup>c-j</sup>	-4.6	30.6 <sup>b-j</sup>	-9.9	19.2 <sup>o-t</sup>
Kalati	-0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.2	2.1 <sup>a-j</sup>	-1.0	43.3 <sup>d-l</sup>	5.9	42.3 <sup>b-e</sup>	-19.3 <sup>*</sup>	10.1 <sup>stu</sup>
Mam Braime	0.0 <sup>*</sup>	0.1 <sup>ab</sup>	-0.91 <sup>**</sup>	1.2 <sup>ij</sup>	-0.4	43.6 <sup>d-l</sup>	-21.0 <sup>**</sup>	10.9 <sup>ik</sup>	-27.6 <sup>**</sup>	1.2 <sup>u</sup>
Bol Mazu	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.6 <sup>*</sup>	1.6 <sup>f-j</sup>	1.1	45.2 <sup>b-h</sup>	-11.9	20.3 <sup>f-k</sup>	-24.9 <sup>**</sup>	4.0 <sup>u</sup>
Lal Qermez	0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	0.6 <sup>*</sup>	3.1 <sup>ab</sup>	2.8	47.1 <sup>a-e</sup>	-2.9	32 <sup>b-j</sup>	13.1	42.7 <sup>c-h</sup>
Sefid Shakh Shakh	-0.0 <sup>*</sup>	0.0 <sup>ef</sup>	-0.3	1.9 <sup>c-j</sup>	-11.2 <sup>**</sup>	32.3 <sup>p-q</sup>	-6.8	26.6 <sup>d-k</sup>	-8.7	20.1 <sup>o-s</sup>
Alhaghi	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	-0.8 <sup>**</sup>	1.3 <sup>hij</sup>	0.7	45 <sup>b-i</sup>	3.8	40 <sup>b-g</sup>	-26.5 <sup>**</sup>	2.6 <sup>u</sup>
Askari	-0.05 <sup>*</sup>	0.0 <sup>ef</sup>	-0.4	1.8 <sup>c-j</sup>	-7.5	36.6 <sup>nop</sup>	-14.3 <sup>*</sup>	19.6 <sup>f-k</sup>	12.7	42.3 <sup>c-h</sup>
Keshmeshi sefid	-0.0 <sup>*</sup>	0.0 <sup>def</sup>	-0.1	2.3 <sup>a-i</sup>	4.8	49.3 <sup>ab</sup>	-6.4	28.9 <sup>c-k</sup>	34.3 <sup>**</sup>	64.2 <sup>a</sup>
Rejin	-0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-1.1 <sup>**</sup>	1.0 <sup>j</sup>	-12.7 <sup>**</sup>	31 <sup>q</sup>	-22.1 <sup>**</sup>	8.7 <sup>k</sup>	-27.5 <sup>**</sup>	1.1 <sup>u</sup>
Sarghola	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	0.2	2.5 <sup>a-g</sup>	-2.4	41.6 <sup>g-m</sup>	-7.3	26.7 <sup>d-k</sup>	-5.7	23.5 <sup>m-r</sup>
Chava Ga	0.0	0.1 <sup>abc</sup>	0.6 <sup>*</sup>	3.2 <sup>a</sup>	-3.7	40.3 <sup>f-n</sup>	-4.1	30.3 <sup>c-j</sup>	-27.8 <sup>**</sup>	1.4 <sup>u</sup>
Yaghoti	0.0	0.1 <sup>b-e</sup>	-0.6 <sup>*</sup>	1.6 <sup>e-j</sup>	-4.9 <sup>*</sup>	39.3 <sup>lmn</sup>	1.1	37.2 <sup>b-h</sup>	4.2	34 <sup>g-m</sup>
Qara Gandoma	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.3	1.8 <sup>c-j</sup>	2.3	46.4 <sup>a-f</sup>	-10.8	21.8 <sup>e-k</sup>	-26.2 <sup>**</sup>	2.7 <sup>u</sup>
Gazandaii	-0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	0.2	2.6 <sup>a-g</sup>	-0.8	43.3 <sup>d-l</sup>	-6.4	27.4 <sup>c-k</sup>	-8.7	20.5 <sup>o-s</sup>
Qzl Ouzum	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	0.1	2.4 <sup>a-h</sup>	-1.8	42.1 <sup>f-l</sup>	-5.8	27.9 <sup>c-k</sup>	-11.7	17.4 <sup>rst</sup>
Agh Shani	-0.0	0.0 <sup>b-f</sup>	-0.1	2.2 <sup>a-i</sup>	-7.4 <sup>**</sup>	36.6 <sup>nop</sup>	4.9	41.1 <sup>b-f</sup>	2.9	32.4 <sup>h-n</sup>
Jig Jiga	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	0.1	2.5 <sup>a-h</sup>	-3.0	41.1 <sup>h-n</sup>	-3.4	31.1 <sup>b-j</sup>	-3.5	25.7 <sup>k-r</sup>
Lal Sefid	-0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.3	2.1 <sup>a-j</sup>	-6.8 <sup>**</sup>	37.1 <sup>mno</sup>	4.9	41.0 <sup>b-f</sup>	5.6	35.1 <sup>g-m</sup>
Klkarevi	-0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-1.0 <sup>**</sup>	1.2 <sup>ij</sup>	-1.5	42.6 <sup>e-l</sup>	14.1 <sup>*</sup>	51.7 <sup>ab</sup>	-11.4	17.8 <sup>q-t</sup>
Sachakh	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	-0.6	1.6 <sup>e-j</sup>	-2.8	41.1 <sup>h-n</sup>	-15.5 <sup>*</sup>	18.1 <sup>h-k</sup>	-10.7	18.3 <sup>p-t</sup>
Shirazi	0.1 <sup>**</sup>	0.1 <sup>a</sup>	-0.3	1.8 <sup>c-j</sup>	-0.3	43.8 <sup>d-l</sup>	4.6	39.8 <sup>b-g</sup>	9.4	38.7 <sup>d-j</sup>
Angotka	0.0	0.1 <sup>b-f</sup>	0.3	2.7 <sup>a-f</sup>	-2.6	41.5 <sup>g-m</sup>	3.6	38.6 <sup>bh</sup>	6.1	35.43 <sup>f-l</sup>
Narrow sense heritability %	60.78		72.91		56.80		77.88		91.95	

BV: Breeding value, TSS: Total soluble solids, TA: Titratable acidity, BW: Berry weight, FW: Flesh weight, SSW: Single seed weight, SN: seed number, JV: Juice volume, FSOP: Fruit set in open pollination, PG: Pollen germination, CL: Cluster length, CW: Cluster width, Cwei: Cluster weight, FSCP: Fruit set under controlled pollination. \* and \*\*: significantly differences at 5 and 1% of probability levels, respectively. Columns with same letters are not significantly different in the 5% probability level.

**Table 2. Continued Means Comparison and estimates of breeding value for the studied traits in grape cultivars by mixed linear model based on REMAP markers**

Cultivar	CL		CW		CWei		FSCP	
	BV	Mean	BV	Mean	BV	Mean	BV	Mean
Rezghi	1.9	22.3 <sup>abc</sup>	-2.7*	6.6 <sup>cd</sup>	-14.7	586.3 <sup>a</sup>	-5.3	20.7 <sup>abc</sup>
Hosseini	-4.1*	13.8 <sup>bc</sup>	-2.1	7.4 <sup>bcd</sup>	-104.4	386.7 <sup>a</sup>	-0.1	30.3 <sup>abc</sup>
Tabarze Sefid	-1.5	17.7 <sup>abc</sup>	-2.1	7.5 <sup>bcd</sup>	-62.4	452.3 <sup>a</sup>	-3.4	27.1 <sup>abc</sup>
Saghal Solian	-0.4	19.1 <sup>abc</sup>	0.6	12.3 <sup>abc</sup>	-46.2	556.6 <sup>a</sup>	-7.1	20.9 <sup>abc</sup>
At Ouzum	-0.3	20.1 <sup>abc</sup>	-0.1	10.8 <sup>a-d</sup>	-4.9	618.2 <sup>a</sup>	-0.9	26.7 <sup>abc</sup>
Lal Seyah	-2.8	15.7 <sup>abc</sup>	-2.1	8.1 <sup>bcd</sup>	-14.5	572.1 <sup>a</sup>	10.9	44.3 <sup>ab</sup>
Seyah Sardasht	-4.1*	14.6 <sup>abc</sup>	0.6	8.5 <sup>bcd</sup>	-135.9	388.3 <sup>a</sup>	3.1	32.0 <sup>abc</sup>
Garmian	-0.0	19.6 <sup>abc</sup>	-0.1	11.1 <sup>a-d</sup>	19.0	643.4 <sup>a</sup>	10.9	45.4 <sup>ab</sup>
Maiemo	1.7	22.5 <sup>abc</sup>	-2.1	11.8 <sup>a-d</sup>	-74.9	439.6 <sup>a</sup>	-11.7	11.2 <sup>bc</sup>
Rishbaba Qermez	2.7	23.2 <sup>ab</sup>	-1.9	12 <sup>abc</sup>	6.4	567 <sup>a</sup>	0.1	28.3 <sup>abc</sup>
Taifi	-0.9	19.1 <sup>abc</sup>	0.1	11.2 <sup>a-d</sup>	107.8	890.8 <sup>a</sup>	3.5	34.5 <sup>abc</sup>
Keshmeshi Qermez	-0.0	20.1 <sup>abc</sup>	0.3	11.3 <sup>a-d</sup>	-33.1	514.1 <sup>a</sup>	4.8	36.3 <sup>abc</sup>
Fakhri	-3.7	14 <sup>abc</sup>	0.9	10 <sup>a-d</sup>	-126.8	349.7 <sup>a</sup>	-0.2	29.3 <sup>abc</sup>
Shahrudi	1.1	22 <sup>abc</sup>	-0.2	9.3 <sup>a-d</sup>	136.7	895.2 <sup>a</sup>	-5.5	20.6 <sup>abc</sup>
Qara Shani	-1.3	17.8 <sup>abc</sup>	-0.1	11.2 <sup>a-d</sup>	-73.4	482.7 <sup>a</sup>	16.4*	52.0 <sup>a</sup>
Sahebi Qermez	-0.4	20.1 <sup>abc</sup>	-0.9	15.3 <sup>a</sup>	102.9	905 <sup>a</sup>	-6.1	22.9 <sup>abc</sup>
Inah Amjai	-3.8*	14.2 <sup>abc</sup>	-0.8	9.5 <sup>a-d</sup>	-53.2	469.7 <sup>a</sup>	-0.1	26.3 <sup>abc</sup>
Tabarze Qermez	2.3	23 <sup>abc</sup>	0.1	12 <sup>abc</sup>	36.1	682.6 <sup>a</sup>	5.2	34.8 <sup>abc</sup>
Dastarchin	0.1	20.9 <sup>abc</sup>	2.1	14 <sup>ab</sup>	-7.6	620.3 <sup>a</sup>	5.2	34.6 <sup>abc</sup>
Rishbaba Sefid	1.6	22.9 <sup>abc</sup>	1.6	13.4 <sup>abc</sup>	-45.4	481.3 <sup>a</sup>	-3.9	22.9 <sup>abc</sup>
Agh Melhi	-2.5	15.7 <sup>abc</sup>	-0.8	9.5 <sup>a-d</sup>	-90.3	399.2 <sup>a</sup>	-6.1	20.8 <sup>abc</sup>
Goi Melki	-1.9	17.9 <sup>abc</sup>	-1.7	9.6 <sup>a-d</sup>	-123.9	368.6 <sup>a</sup>	-11.2	14.2 <sup>bc</sup>
Sayani	-0.8	18.7 <sup>abc</sup>	-1.2	9.5 <sup>a-d</sup>	-50.5	557.4 <sup>a</sup>	-9.1	15 <sup>bc</sup>
Kalati	0.0	20.2 <sup>abc</sup>	-0.0	11.3 <sup>a-d</sup>	-73.6	498.3 <sup>a</sup>	-1.2	29.8 <sup>abc</sup>
Mam Braime	-1.7	17.5 <sup>abc</sup>	-2.4	6.9 <sup>cd</sup>	-68.3	447.9 <sup>a</sup>	-13.9*	5.5 <sup>c</sup>
Bol Mazu	-0.2	21.2 <sup>abc</sup>	-1.7	7.9 <sup>bcd</sup>	-44.3	517.9 <sup>a</sup>	-14.3*	4.6 <sup>c</sup>
Lal Qermez	1.1	21.1 <sup>abc</sup>	3.1*	15.5 <sup>a</sup>	88.3	736.4 <sup>a</sup>	-4.7	19.3 <sup>abc</sup>
Sefid Shakh Shakh	-3.1	15 <sup>abc</sup>	-0.8	9.6 <sup>a-d</sup>	-119.5	336 <sup>a</sup>	5.3	37.1 <sup>abc</sup>
Alhaghi	3.1	23.7 <sup>ab</sup>	-0.0	10.8 <sup>a-d</sup>	135.5	876 <sup>a</sup>	-8.2	20.3 <sup>abc</sup>
Askari	-1.0	18.9 <sup>abc</sup>	-2.1	8.1 <sup>bcd</sup>	-134.3	392.9 <sup>a</sup>	-7.5	18.0 <sup>abc</sup>
Keshmeshi sefid	0.8	21 <sup>abc</sup>	-1.9	8.4 <sup>bcd</sup>	-1.8	640.4 <sup>a</sup>	-0.8	27.2 <sup>abc</sup>
Rejin	1.3	22 <sup>abc</sup>	-3.7**	5.1 <sup>d</sup>	-87.5	409.7 <sup>a</sup>	-14.0*	3.8 <sup>c</sup>
Sarghola	-0.2	19.5 <sup>abc</sup>	-0.0	10.6 <sup>a-d</sup>	-41.7	543.4 <sup>a</sup>	-2.6	26.1 <sup>abc</sup>
Chava Ga	-1.1	18.9 <sup>abc</sup>	-0.1	11.5 <sup>a-d</sup>	-51.4	530.7 <sup>a</sup>	-7.3	16.2 <sup>bc</sup>
Yaghoti	-1.9	17.7 <sup>abc</sup>	-1.1	10.1 <sup>a-d</sup>	-144.2	326.7 <sup>a</sup>	-11.0	12.4 <sup>bc</sup>
Qara Gandoma	1.9	21.8 <sup>abc</sup>	-0.5	9.3 <sup>a-d</sup>	23.5	485.5 <sup>a</sup>	-3.7	21.8 <sup>abc</sup>
Gazandaii	3.1	24.6 <sup>a</sup>	-2.0	8 <sup>bcd</sup>	-14.1	556.7 <sup>a</sup>	-2.7	22.4 <sup>abc</sup>
Qzl Ouzum	3.1	24.3 <sup>ab</sup>	-0.8	9.6 <sup>a-d</sup>	60.1	666.1 <sup>a</sup>	4.9	32.6 <sup>abc</sup>
Agh Shani	2.6	24.4 <sup>ab</sup>	0.9	13.4 <sup>abc</sup>	-7.9	661.3 <sup>a</sup>	8.2	41.1 <sup>ab</sup>
Jig Jiga	0.2	21.2 <sup>abc</sup>	-0.3	11 <sup>a-d</sup>	-76.4	456.7 <sup>a</sup>	-1.4	26.6 <sup>abc</sup>
Lal Sefid	-5.1**	12.2 <sup>c</sup>	-1.7	8.8 <sup>a-d</sup>	-45.6	526 <sup>a</sup>	-5.1	22.6 <sup>abc</sup>
Klkarevi	1.3	22.3 <sup>abc</sup>	-1.8	8.9 <sup>a-d</sup>	-88.4	493.3 <sup>a</sup>	-12.9*	11.8 <sup>bc</sup>
Sachakh	0.5	21.3 <sup>abc</sup>	-2.5	7.6 <sup>bcd</sup>	-16.7	536.7 <sup>a</sup>	-6.1	21.3 <sup>abc</sup>
Shirazi	-3.9*	14.1 <sup>abc</sup>	-1.1	9 <sup>a-d</sup>	-49.6	493.7 <sup>a</sup>	10.5	43 <sup>ab</sup>
Angotka	-2.1	17.1 <sup>abc</sup>	-1.4	9.1 <sup>a-d</sup>	-27.7	580.1 <sup>a</sup>	-0.99	28.6 <sup>abc</sup>
Narrow sense heritability%		46.01		35.32		23.35		46.07

BV: Breeding value, TSS: Total soluble solids, TA: Titratable acidity, BW: Berry weight, FW: Flesh weight, SSW: Single seed weight, SN: seed number, JV: Juice volume, FSOP: Fruit set in open pollination, PG: Pollen germination, CL: Cluster length, CW: Cluster width, Cwei: Cluster weight, FSCP: Fruit set under controlled pollination. \* and \*\*: significantly differences at 5 and 1% of probability levels, respectively. Columns with same letters are not significantly different in the 5% probability level.

میوه تأثیر دارد (Rasouli et al., 2019).

در بین ارقام مورد مطالعه در این تحقیق ارقام تبرزه سفید، ریش بابا قرمز، کشمش سفید، کشمش قرمز، فخری، تبرزه قرمز و دسترچین دارای بالاترین ارزش اصلاحی برای صفت درصد جوانه‌زنی بوده‌اند. ارقام قره‌شانی و کلک‌ریوی نیز دارای بالاترین ارزش اصلاحی برای درصد تشکیل میوه در شرایط گرده‌افشانی آزاد بودند. در اصلاح ارقام داشتن بهترین ترکیب صفات در یک فرد مهم است. ارقام گرمیان، ریش بابا قرمز، کشمش قرمز، تبرزه قرمز، آق‌شانی و شیرازی برای صفات جوانه‌زنی دانه‌گرده، درصد تشکیل میوه در شرایط گرده‌افشانی آزاد و کنترل‌شده ارزش اصلاحی مثبت و بالا نشان دادند. ارقام سر‌قوله، گزندایی و قزل‌اوزوم دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالا برای صفات وزن حبه، وزن گوشت میوه هستند. ارقام لعل قرمز، ریش بابا قرمز و تبرزه قرمز دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالا برای صفات طول خوشه، عرض خوشه و وزن خوشه هستند و بنابراین می‌توانند والد مناسبی برای به‌نژادی این صفات در برنامه‌های تلاقی باشند. تحقیقات نشان داده است که دقت تخمین مقادیر ارزش اصلاحی برای صفات دارای وراثت‌پذیری بالا بیشتر از صفات دارای وراثت‌پذیری کم است (Villumsen and Janss, 2009). در پژوهش حاضر صفات جوانه‌زنی گرده، درصد تشکیل میوه در شرایط گرده‌افشانی آزاد، تعداد بذر، وزن حبه و وزن گوشت وراثت‌پذیری بالایی داشتند (جدول ۲) و بنابراین اعتماد به برآوردهای ارزش اصلاحی در این صفات در مقایسه با سایر صفات مورد مطالعه بیشتر بوده و می‌توان استنباط نمود که این صفات بیشتر تحت کنترل اثر افزایشی ژن‌ها هستند. در همین راستا میزان وراثت‌پذیری خصوصی برای وزن حبه ۰/۶۳، برای عرض حبه ۰/۶۹، برای طول حبه ۰/۶۸، برای TSS ۰/۴۸ و برای اسیدیته ۰/۳۶ گزارش شده است (Xianming et al., 2002). در مقابل صفات اسیدیته میوه، عرض خوشه و وزن خوشه وراثت‌پذیری پایینی داشتند. تجزیه خوشه‌ای بر اساس ارزش‌های اصلاحی به

میوه یکی از اهداف مهم به‌نژادی در میوه‌ها است زیرا باعث سهولت در خوردن میوه و افزایش جذابیت برای مصرف‌کنندگان می‌شود (Varoquaux et al., 2000). در بین ارقام بی‌دانه مورد مطالعه، از لحاظ وزن تک بذر رقم رجین و رقم کشمش قرمز به ترتیب بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی را داشتند. از لحاظ تعداد بذر رقم کشمش سفید دارای بالاترین ارزش اصلاحی و رقم رجین دارای پایین‌ترین ارزش اصلاحی بودند. در بین ارقام دانه‌دار، از لحاظ وزن تک بذر رقم شیرازی دارای بالاترین ارزش اصلاحی و رقم آق‌ملحی دارای پایین‌ترین ارزش اصلاحی بودند. از لحاظ تعداد بذر رقم قره‌شانی دارای بیشترین ارزش اصلاحی و رقم کلک‌ریوی دارای پایین‌ترین ارزش اصلاحی بودند. نتایج نشان داد که در بین ارقام بی‌دانه از لحاظ وزن تک بذر، رقم رجین و از لحاظ تعداد بذر، رقم کشمش سفید بالاترین توان انتقال صفات وزن تک بذر و تعداد بذر را به ترتیب به نسل بعد دارند. در بین ارقام دانه‌دار از لحاظ وزن تک بذر، رقم شیرازی و از لحاظ تعداد بذر، رقم قره‌شانی بالاترین توان انتقال صفات مذکور را به نسل بعد دارند.

اطلاع کافی در مورد صفات دانه‌گرده ارقام یکی از مسائل مهم برای پرورش‌دهندگان و به‌نژادگران انگور می‌باشد (Kozma et al., 2003; Szabo, 2003). در پژوهشی میزان جوانه‌زنی دانه‌گرده در بین ۱۴ رقم انگور بررسی شد، نتایج نشان داد که سه رقم Touriga Nacional، Cabernet Sauvignon و Cabernet Franc درصد جوانه‌زنی دانه‌گرده پایینی داشتند در حالی که ارقام Castelaو Loureiro، Malbec و Petit Verdot میزان جوانه‌زنی بالایی داشتند (Reis Pereira et al., 2018). در یک تحقیق میزان درصد جوانه‌زنی دانه‌گرده در بین ارقام انگور بررسی و گزارش شد که میزان درصد جوانه‌زنی دانه‌گرده از ۱۱/۴ درصد در تامسون سیدلس تا ۳۹/۱ درصد در 'King's Ruby' متغیر است (Tangolar et al., 1999). در پژوهشی با بررسی اثر نوع دانه‌گرده برخی از ژنوتیپ‌های گردو گزارش شد که نوع دانه‌گرده و میزان جوانه‌زنی آن بر درصد تشکیل

ارائه شده، ارقام گرمیان، ریش بابا قرمز، کشمش قرمز، تبرزه قرمز، آق‌شانی و شیرازی برای صفات جوانه‌زنی دانه‌گرده، درصد تشکیل میوه در شرایط گرده‌افشانی آزاد و کنترل شده ارزش اصلاحی مثبت و بالا نشان دادند. برای وزن حبه و وزن گوشت میوه، ارقام سرقوله، گزندایی و قزل اوزوم ارزش اصلاحی بالا و مثبت نشان دادند. بنابراین می‌توان این ارقام را به‌عنوان والد مناسب برای اصلاح وزن حبه و وزن گوشت میوه در برنامه‌های تلاقی معرفی نمود چرا که بهتر می‌تواند خصوصیات خود را به نتایج منتقل نمایند. ارقام لعل قرمز، ریش بابا قرمز و تبرزه قرمز نیز برای طول خوشه، عرض خوشه و وزن خوشه دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالا بودند و بنابراین می‌توانند به‌عنوان والد مطلوب برای اصلاح این صفات در برنامه‌های به‌نژادی انگور معرفی شوند. برآورد ارزش اصلاحی به به‌نژادگران در معرفی ارقامی که توان بالایی برای انتقال صفات مطلوب به نسل بعد دارند کمک می‌نماید. با بکارگیری ارزش اصلاحی ارقام در برنامه‌های هیبریداسیون به‌طور بالقوه می‌توان مطمئن شد که صفات مطلوب مانند بی‌دانگی، حبه‌های درشت و طعم و مزه مناسب به نسل بعد منتقل خواهد شد.

### سپاس‌گزاری

از پژوهشکده زیست‌فناوری دانشگاه ارومیه به خاطر تأمین امکانات لازم برای انجام این پژوهش تشکر و قدردانی می‌شود.

روش حداقل واریانس WARD ارقام مورد مطالعه را به پنج گروه، گروه‌بندی کرد (شکل B1). در گروه اول تمام ارقام برای درصد تشکیل میوه در حالت گرده‌افشانی آزاد و کنترل شده ارزش اصلاحی منفی دارند. در گروه دوم ارقامی قرار دارند که از لحاظ اکثر صفات، ارزش اصلاحی بالایی نشان دادند به‌طوری‌که ارقام گرمیان، آق‌شانی، قزل‌اوزوم، ریش بابا قرمز، لعل قرمز و طائفی که با در نظر گرفتن مجموع ارزش‌های اصلاحی جمیع صفات مورد مطالعه بالاترین رتبه را داشتند در این گروه قرار گرفتند. در گروه سوم ارقام تبرزه سفید و تبرزه قرمز قرار گرفتند که برای صفت مواد جامد محلول، pH و درصد جوانه‌زنی دانه‌گرده ارزش اصلاحی مثبت دارند، البته افراد گروه برای صفات اسیدیته، وزن حبه، وزن گوشت و حجم آب میوه ارزش اصلاحی منفی نشان دادند. در گروه چهارم تمام ارقام برای صفات وزن گوشت، حجم آب میوه، طول خوشه و وزن خوشه ارزش اصلاحی منفی دارند. در این گروه تمام ارقام برای صفت درصد تشکیل میوه در حالت گرده‌افشانی کنترل شده ارزش اصلاحی مثبت دارند. در گروه پنجم تمام ارقام برای صفات وزن حبه، وزن گوشت، تعداد بذر و وزن خوشه ارزش اصلاحی منفی دارند.

### نتیجه‌گیری

در این مطالعه ارزش اصلاحی ۱۴ صفت پومولوژیک در ارقام مختلف انگور برآورد شده است. بر اساس نتایج

## References

- Ayala-Zavala, J. F., Wang, S. Y., Wang, C. Y., & Gonzalez-Aguilar, G. A. (2007). High oxygen treatment increases antioxidant capacity and postharvest life of strawberry fruit. *Journal of Food Technology and Biotechnology*, 45(2), 166-173.
- Bernardo, R. (1994). Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. *Crop Science*, 34(1), 20-25.
- Bernardo, R. (2010). *Breeding for quantitative traits in plants* (2nd ed). Woodbury, MN: Stemma Press.
- Burdon, J., McLeod, D., Lallu, N., Gambel, J., Petley, M., & Gunson, A. (2004). Consumer evaluation of Hayward Kiwifruit of different at harvest dry matter contents. *Postharvest Biology and Technology*, 34(3), 245-255.
- D'Onofrio, C., De Lorenzis, G., Giordani, T., Natali, L., Cavallini, A., & Scalabrelli, G. (2010). Retrotransposon-based molecular markers for grapevine species and cultivars identification. *Tree Genetics and Genomes*, 6(3), 451-466.
- De Souza, V. A., Byrne, D. H., & Taylor, J. F. (2000). Predicted breeding values for nine plant and fruit

- characteristics of 28 peach genotypes. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 125(4), 460-465.
- Doulati Baneh, H., & Jalili Marandi, R. (2014). *Fruit trees breeding*. Mashhad: Mashhad Jahad Daneshgahi press. [In Farsi]
- Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12(1), 13-15.
- Ebadi, A., & Haddadinejad, M. (2015). *Physiology, breeding and production of grapes*. Tehran: Tehran university press. [In Farsi]
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. United Kingdom: Pearson Education Limited, Harlow.
- Fehr, W. (1991). *Principles of cultivar development: Theory and technique*. NY, USA: Macmillian Publishing Company.
- Foulley, J. L. (2015). *Mixed model methodology*. Part I: Linear Mixed Models. Technical Report, e-print: France: Université de Montpellier 2.
- Fresnedo-Ramirez, J., Frett, T. J., Sandefur, P. J., Salgado, A. A., Clark, J. R., Gasic, K., ... & Gradziel, T. M. (2016). QTL mapping and breeding value estimation through pedigree-based analysis of fruit size and weight in four diverse peach breeding programs. *Tree Genetics and Genomes*, 12, 25.
- Hajiali, A., Darvishzadeh, R., Zahedi, B., & Abbaskohpayegani, J. (2017). Exploring genetic diversity of some Iranian watermelon (*Citrullus vulgaris*) accessions in Urmia climatic conditions, *Plant Productions*, 40(1), 29-40. [In Farsi]
- Hardner, C. M., Bally, I. S. E., & Wright, C. L. (2012). Prediction of breeding values for average fruit weight in mango using a multivariate individual mixed model. *Euphytica*, 186(2), 463-477.
- Henderson, C. (1990). Statistical methods in animal improvement: Historical overview. *Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock. Advanced series in agricultural sciences* (vol 18. pp, 2-14). Berlin, Heidelberg: Springer.
- Imai, A., Kuniga, T., Yoshioka, T., Nonaka, K., Mitani, N., Fukamachi, H., ... & Hayashi, T. (2016). Evaluation of the best linear unbiased prediction method for breeding values of fruit-quality traits in citrus. *Tree Genetics and Genomes*, 12(6), 119.
- Jamshidi Golan, S., Mazahery Laghab, H., Moosavi S. S., & Kakaei, M. (2015). Variability of different characteristics of field resistance in different alfalfa (*Medicago sativa* L.) genotypes to alfalfa weevil (*Hypera postica* Gyll.). *Plant Production Technology*, 7(1), 141-152.
- Kozma, P., Nyeki, J., Soltesz, M., & Szabo, Z. (2003). *Floral biology, pollination and fertilization in temperate zone fruit species and grape*. Budapest: Akademiai Kiado.
- Ledbetter, C. A., & Ramming, D. W. (1989). Seedlessness in grapes. *Horticultural Reviews*, 11, 159-184.
- Ledbetter, C. A., Burgos, L., & Palmquist, D. (1994). Comparison of methods used for determining the stenospermic trait in *Vitis vinifera* L. *Vitis*, 33(1), 11-33.
- Lombardo, G., Cargnello, G., Bassi, M., Gerola, F. M., & Carraro, L. (1978). Pollen ultra-structure in different vine cultivars with low productivity. *Vitis*, 17(3), 221-228.
- Martinez-Garcia, P. J., Famula, R., Leslie, C. A., Mcgranahan, G. H., Famula, T. R., & Neale, D. B. (2017). Predicting breeding values and genetic components using generalized linear mixed models for categorical and continuous traits in walnut (*Juglans regia*). *Tree Genetics and Genomes*, 13(5), 1-12.
- Meyer, K. (2007). Wombat a tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *Journal of Zhejiang University Science*, 8(11), 815-821.
- Nasri, S., Abdollahi Mandoulakani, B., Darvishzadeh, R., & Bernousi, I. (2013). Retrotransposon insertional polymorphism in Iranian bread wheat cultivars and breeding lines revealed by IRAP and REMAP markers. *Biochemical Genetics*, 51(11-12), 927-943.
- Patterson, H. D., & Thompson, R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58(3), 545-554.

- Pereira, H. S, Barao, A., Delgado, M., Morais-Cecilio, L., & Viegas, W. (2005). Genomic analysis of grapevine retrotransposon 1 (Gret1) in *Vitis vinifera*. *Theoretical and Applied Genetics*, 111(5), 871-878.
- Rakonjac, V., Todiv, S., Beslic, Z., Korac, N., & Markovic, N. (2010). The cluster analysis of clones obtained from autochthonous cultivar Kreača (*Vitis vinifera* L.). *Genetika*, 42(3), 415-424.
- Rasouli, M., Ershadi Qarahlar, B., & Karimi, R. (2019). The effect of pollen type of some walnut genotypes on fruit set, and fruit quantitative and qualitative characteristics of MSG15, MKG23 and MKG24 as seed parents. *Plant Productions*, 42(3), 307-320. [In Farsi]
- Razi, M., Amiri, M. E., Darvishzadeh, R., Doulati Baneh, H., Alipour, H., & Martinez Gomez, P. (2020). Assessment of genetic diversity of cultivated and wild Iranian grape germplasm using retrotransposon-microsatellite amplified polymorphism (REMAP) markers and pomological traits. *Molecular Biology Reports*, 47(10), 7593-7606.
- Razi, M., Darvishzadeh, R., Amiri, M. E., Doulati Baneh, H., & Martinez Gomez, P. (2018). Molecular characterization of a diverse Iranian table grapevine germplasm using REMAP markers: Population structure, linkage disequilibrium and association mapping of berry yield and quality traits. *Biologia*, 74(2), 173-185.
- Reis Pereira, M., Ribeiro, H., Cunha, M., & Abreu, I. (2018). Comparison of pollen quality in *Vitis vinifera* L. cultivars. *Scientia Horticulturae*, 227, 112-116.
- Roudbari, Z., Mohammadi-Nejad, G., & Shahsavand-Hassani, H. (2017). Field screening of primary and secondary tritipyrum genotypes using selection indices based on blup under saline and normal conditions. *Crop Science*, 57(3), 1495-1503.
- Sato, A., Yamada, M., Iwanami, H., & Mitani, M. (2004). Quantitative and instrumental measurements of grape flesh texture as affected by gibberellic acid application. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*, 73(1), 7-11.
- Searle, S. R., Casella, G., & McCulloch, C. E. (2009). *Variance components*. NY, USA: John Wiley & Sons.
- Semagn, K., Bjørnstad, A., & Xu, Y. (2010). The genetic dissection of quantitative traits in crops. *Electronic Journal of Biotechnology*, 13(5), 1-45.
- Sharafi, Y., & Bahmani, A. (2011). Pollen germination, tube growth and longevity in some cultivars of *Vitis vinifera* L. *African Journal of Microbiology Research*, 5(9), 1102-1107.
- Szabo, Z. (2003). Grapes (*Vitis vinifera* L.). *Floral biology, pollination and fertilization in temperate zone fruit species and grape* (pp. 783-820). Budapest: Akademiai Kiado
- Tangolar, S., Eti, S., Gok, S., & Ergenoglu, F. (1999). Obtaining plants from seedless x seedless grape crosses using embryo culture. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 23(4), 935-942.
- Varoquaux, F., Blanvillain, R., Delseny, M., & Gallois, P. (2000). Less is better: new approaches for seedless fruit production. *Trends in Biotechnology*, 18(6), 233-242.
- Villumsen, T. M., & Janss, L. (2009). Bayesian genomic selection: the effect of haplotype length and priors. *BMC Proceedings*, 3(1), 1-11.
- Vukich, M., Schulman, A. H., Giordani, T., Natali, L., Kalendar, R., & Cavallini, A. (2009). Genetic variability in sunflower (*Helianthus annuus* L.) and in the *Helianthus* genus as assessed by retrotransposon-based molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 119(6), 1027-1038.
- Wu Dai, Z., Ollat, N., Gomes, E., Decroocq, S., Tandonnet, J. P., Bordenave, L., ... & Delrot, S. (2011). Ecophysiological, genetic, and molecular causes of variation in grape berry weight and composition: A Review. *American Journal of Enology and Viticulture*, 62(4), 413-425.
- Xianming, W., Sykes, S. R., & Clingeleffer, P. R. (2002). An investigation to estimate genetic parameters in CSIRO's table grape breeding program. 2. Quality characteristics. *Euphytica*, 128(3), 343-351.
- Yang, R. C. (2010). Towards understanding and use of mixed-model analysis of agricultural experiments. *Canadian Journal of Plant Science*, 90(5), 605-627.
- Zerihun, A., McClymont, L., Lanyon, D., Goodwin, I., & Gibberd, M. (2015). Deconvoluting effects of vine and soil properties on grape berry composition. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 95(1), 193-203.