

## الملخص

نُفذ البحث في محطة بحوث عرى/مركز البحوث العلمية الزراعية في محافظة السويداء/الهيئة العامة للبحوث العلمية الزراعية/سورية، خلال الموسم الزراعي 2020-2021م. حيث زُرِع 10 طرز وراثية محلية من زهرة الشمس الثمري، وفق تصميم القطاعات العشوائية الكاملة RCBD بثلاث مكررات، بهدف تقييم بعض الصفات التطورية والشكلية والإنتاجية، واختيار الطراز الأفضل والأكثر ملائمةً لظروف منطقة الدراسة، كما درست علاقات الارتباط بين الصفات المدروسة. بيّنت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروقات معنوية بين الطرز الوراثية المدروسة، حيث كان الطراز 156105 الأدنى معنوياً في متوسط عدد الأيام اللازمة للإنبات والإزهار والنضج الأبركر وبفروقات معنوية مقارنة مع كافة الطرز الأخرى المدروسة، حيث بلغ متوسط عدد الأيام حتى الإنبات (2يوم)، وعدد الأيام حتى الإزهار (51يوم)، وعدد الأيام حتى النضج (88يوم)، في حين تفوق الطراز رقم 1/156045 في كل من الصفات: الغلة البذرية 2928 غ.ه<sup>-1</sup>، وزن البذور في النبات 292.8 غ، قطر القرص الزهري 36.89 سم، وزن القرص الجاف 1669.7 غ، وعدد البذور في القرص 1781 بذرة، ومنه تدل النتائج على أن الطرازين 1/156045 و 156105 كانا الأكثر تأقلاً مع ظروف منطقة الدراسة. وبيّنت نتائج تحليل الارتباط البسيط بين الصفات المدروسة إلى وجود علاقة ارتباط موجبة معنوية قوية جداً بين صفة الوزن الجاف للقرص الزهري وكل من عدد البذور فيه  $r=0.776^{**}$ ، والغلة البذرية  $r=0.849^{**}$ ، كما وجد علاقة ارتباط موجبة معنوية قوية جداً بين صفة عدد البذور بالقرص والغلة البذرية  $r=0.765^{**}$ ، كما تمت دراسة درجة القرابة بين الطرز الوراثية المدروسة، اعتماداً على الصفات التطورية والشكلية وإنتاجية، باستخدام التحليل العنقودي، حيث انفصلت شجرة القرابة إلى عنقودين، حيث يضم العنقود الثاني الطراز 1/156045، في حين ضم العنقود الأول بقية الطرز المدروسة. تم تحديد درجة القرابة الوراثية بين طرز زهرة الشمس باستعمال تقنية ISSR، حيث استخدم 20 بادئة، أعطت 17 بادئة تعددية شكلية، ونجم عن استعمالها 59 حزمةً، وبلغ متوسط النسبة المئوية للتعددية الشكلية 100%، وكان متوسط معامل التعددية الشكلية PIC (0.313). وقد تبين أن أقل قيمة لمصفوفة النسب المئوية لعدم التوافق هي 0.0311 بين الطرازين 156230 و 156184، بينما كانت أعلى قيمة لـ PDV 0.596 بين الطرازين 156105 و 1/156028، والطرازين 156234 و 1/156028. كما تمت دراسة درجة القرابة بين الطرز

الوراثية المدروسة، اعتماداً على التحليل الوراثي الجزيئي للطرز المدروسة، وذلك لإنشاء شجرة القرابة الوراثية Dendrogram لتحديد درجة القرابة الوراثية، حيث انفصلت شجرة القرابة الوراثية إلى عنقودين، ضم العنقود الأول الطرز (156230، 156184، 3/156013، 156234، 2/156013، 1/156045، 156105)، انقسم العنقود الأول إلى تحت عنقودين، ضم تحت العنقود الأول الطرز (156230، 156184، 3/156013، 156234) وكان الأقرب تحت العنقود الأول الطرازين (156230، 156184) بمسافة 1.555، في حين ضم تحت العنقود الثاني الطرز (2/156013، 1/156045، 156105)، بينما ضم العنقود الثاني الطرز (1/156028، 156243، 156030). نتيجة الربط بين شجرتي القرابة الوراثية والحقلية تبين أن الطرز (156234، 2/156013، 156230) هي طرز وراثية، في حين بقية الطرز هي طرز بيئية.

## Abstract

This research was carried out in Erah Research Station/ Sewida Agricultural Research Center/ General Commission for Scientific Agricultural Research/ Syria in 2020-2021. Where 10 local genotypes of fruiting sunflower were cultivated, according to the RCBD randomized complete block design with three replications, to evaluate some developmental, morphological and productive traits, and to select the genotype that is most adapted to the conditions of the cultivation area. The studied parameters were: number of days for germination (day), number of days to flowering (day), number of days to full maturity (day), average plant height (cm), average head diameter (cm), average head dry weight (g), average number of seeds per head (seed.head<sup>-1</sup>), average seed weight per plant (g), average weight of 100 seeds (g), average harvest index %, average plant yield (g.ha<sup>-1</sup>), average dry weight of the plant (g), average achen.seed<sup>-1</sup> ratio%, In addition to the correlations between the studied traits was studied. The results of the statistical analysis showed significant differences between the studied genotypes, This is due to the difference in genotypes between the studied genotypes of sunflower, where the genotype 156105 was significantly the lowest in the mean number of days to germination, flowering and early maturity, with significant differences compared to all other studied genotypes, as the average number of days for germination was (2 days), the number of days to flowering (51 days), the number of days to full maturity (88 days), while the genotype 156045/1 excelled in each of the traits: seed yield (2928 g.ha<sup>-1</sup>), seed weight per plant (292.8 g), average head diameter (36.89 cm), the weight of the dry head is (1669.7 g), and the number of seeds in the head is (1781) seeds. The results indicate that two genotypes 156045/1 and 156105 were the most adapted to the conditions of the cultivation area. The results of the simple correlation analysis between the studied traits showed that there was a very strong positive correlation between the characteristic of the dry weight of the head and each of the number of seeds in it ( $r=0.776^{**}$ ), and the yield of seeds ( $r=0.849^{**}$ ), and a correlation was also found there is a very strong significant positive correlation between the number of seeds per head and the yield of seeds ( $r=0.765^{**}$ ), and therefore the yield can be improved by improving the associated traits. The degree of dendrogram between the studied genotypes was also studied, depending on the developmental, morphological and productive traits, using cluster analysis, where the dendrogram was separated into two clusters, where the second cluster included genotype 156045/1, while the first cluster included the rest of the studied genotypes. The degree of genetic kinship between sunflower genotypes was determined by using primers inter simple sequence repeat (ISSR) technique, where 20 primers were used, 17 of which were polymorphic,

and 59 bands resulted, and the average percentage of polymorphism was 100%, and the average polymorphism coefficient (PIC) was 0.313. The lowest value of the incompatibility percentage matrix was 0.0311 between the genotypes 156230 and 156184, while the highest value for PDV was 0.596 between the genotypes 156105 and 156028/1, and between the genotypes 156234 and 156028/1. The degree of kinship between the studied genotypes was also studied, based on the molecular genetic analysis of the studied genotypes, in order to establish a dendrogram to determine the degree of genetic kinship. 156234, 156013/2, 156045/1, 156105), the first cluster was divided into two sub-clusters included the genotypes (156230, 156184, 156013/3, 156234), the closest were the two genotypes (156230, 156184) with a distance of 1.555, while the second sub-cluster included the genotypes (156013/2, 156045/1, 156105), while the second cluster included the genotypes (156028/1, 156243, 156030).

As a result of linking the genetic and field kinship trees, it was found that the genotypes (156234, 156013/2, 156230) are genetic genotypes, while the rest of the genotypes are environmental genotypes.