نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی
جلد بیست و هفتم، شماره دوم، ۱۳۹۹
۸۷-۱۰۱
http://jopp.gau.ac.ir
DOI: 10.22069/jopp.2019.16208.2468

ارزیابی تنوع فنوتیپی، ژنتیکی و مقدار نسبی DNA هسته در فستوکای پابلند (*Festuca arundinacea*)

***سهیلا افکار[۱]، قاسم کریم‌زاده[۲] و علی‌اشرف جعفری[۳]**

[۱]استادیار گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام‌نور، تهران، ایران،

[۲]دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران،

[۳]استاد پژوهشی، بخش تحقیقات مرتع، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۱۱/۰۲؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۰٤/۱۵

چکیده

سابقه و هدف: گونه‌های فستوکا در ایران رشد می‌کنند و پلی‌پلوئیدی بودن نقش مهمی در تکامل این گروه دارد. گیاه *Festuca arundinacea* متعلق به خانواده گراس‌ها بوده و شامل گونه‌های متفاوتی است که به‌عنوان علوفه، چمن و هم‌چنین برای محافظت از خاک استفاده می‌شوند. هدف از این پژوهش مطالعه تغییر در مقدار نسبی DNA هسته و صفات فنولوژیکی–مورفولوژیکی در ژنوتیپ‌های مختلف *F. arundinacea* جمع‌آوری‌شده از مناطق متفاوت می‌باشد.

مواد و روش‌ها: این آزمایش در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با ۳ تکرار انجام شد. پارامترهای ژنتیکی برای همه صفات شامل زمان ظهور خوشه، زمان گلدهی، ارتفاع گیاه، سرعت جوانه‌زنی، قدرت جوانه‌زنی، پایداری، عملکرد علوفه، تعداد شاخه در بوته، طول سنبله، وزن هزاردانه، درصد جوانه‌زنی، وزن بذر در بوته، شاخص برداشت، تعداد بذر در بوته محاسبه گردید. برای اندازه‌گیری مقدار نسبی DNA از گیاهچه‌های با طول عمر سه هفته، فلوروکروم DAPI و گیاه جو (*Hordeum vulgare*) رقم سلطان به‌عنوان استاندارد داخلی استفاده شد.

یافته‌ها: ارزیابی متغیرهای ژنتیکی نشان داد تفاوت بین ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی برای تعداد روز تا خوشه‌دهی، تاریخ گلدهی، تعداد ساقه در بوته، سرعت و قدرت جوانه‌زنی، قوه نامیه، تعداد بذر در بوته، وزن هزاردانه و ارتفاع گیاه ناچیز بوده که نشان می‌دهد نقش واریانس ژنتیکی بیش‌تر از واریانس محیطی است. از طرف دیگر مقدار وراثت‌پذیری صفات بین ۹۵-٦٦ درصد بود. در این مطالعه، وراثت‌پذیری بالا برای همه صفات به‌جزء طول خوشه مشاهده شد که نشان می‌دهد روش‌های مبتنی بر گزینش برای این صفات از کارایی بالایی برخوردار است. به‌علت تفاوت ناچیز PCV و GCV، وراثت‌پذیری بالا به همراه پیشرفت ژنتیکی بالا برای صفات تعداد روز تا خوشه‌دهی، تاریخ گلدهی و قدرت جوانه‌زنی می‌توان نتیجه گرفت این صفات توسط ژن‌های افزایشی کنترل می‌شوند و می‌توان آن‌ها را در برنامه‌های اصلاحی از طریق گزینش بهبود داد. مشخص شد که تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای مقدار نسبی DNA هسته وجود دارد که نشان‌دهنده تنوع درون‌گونه‌ای بالا بین ژنوتیپ‌های متفاوت از مناطق مختلف است. نتایج مقایسه میانگین نشان داد ژنوتیپ‌ها در ۷ گروه قرار می‌گیرند که بالاترین

* مسئول مکاتبه: s.afkar@pnu.ac.ir

و کم‌ترین مقدار نسبی DNA هسته به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های G13، G16، G20، G21 و G22 بود. با توجه به مطالعات گذشته، تغییر در مقدار نسبی DNA هسته را در این ژنوتیپ‌ها را می‌توان به وجود کروموزوم B و تغییر در طول کروموزوم نسبت داد.

نتیجه‌گیری: براساس نتایج این پژوهش، بهتر است از صفات زمان ظهور سنبله، زمان گلدهی و قدرت جوانه‌زنی برای برنامه‌های اصلاحی استفاده شود. هم‌چنین تغییر در مقدار نسبی DNA و صفات ریخت‌شناسی- فنولوژیکی می‌توانند عوامل مهمی در تکامل و سازگاری این گونه به شرایط محیطی مختلف باشند.

واژه‌های کلیدی: پیشرفت ژنتیکی، متغیرهای ژنتیکی، مقدار نسبی DNA هسته، وراثت‌پذیری، *Festuca arundinacea*

مقدمه

گندمیان گسترده‌ترین خانواده گیاهی هستند که تکامل‌شان با افزایش یا کاهش اندازه ژنوم مرتبط شده است (۵۰). فستوکا متعلق به تیره گندمیان و شامل گونه‌های مختلفی است که به‌عنوان علوفه و چمن استفاده می‌شود (۲۹). همه گونه‌های جنس فستوکا دگرگشن هستند و در ایران *Festuca arundinacea* در مراتع شمال، مرکز و غرب به‌طور طبیعی رشد می‌کند (۲). گیاه *F. arundinacea* (فستوکای پابلند) در دشت، کوه و جنگل‌ها رشد کرده، برخی از آن‌ها به‌عنوان گونه زراعی استفاده می‌شوند (۵۰). استفاده از این گونه در سال ۱۹۸۰ برای محافظت از خاک، به‌عنوان علوفه و چمن شروع شد (٤٧). از ویژگی‌های مطلوب فستوکای پابلند، سازگاری با دامنه وسیعی از شرایط خاک، مقاومت به سرما، عملکرد بالای بذر و علوفه، طولانی بودن فصل چرا و مقاومت به آفات و بیماری‌هاست که آن را مناسب توسعه مراتع و استفاده در دامداری‌ها به‌عنوان علوفه کرده است (۲۰). تعداد کروموزوم‌های جنس فستوکا از دیپلوئید (۲n=۲x=۱٤) تا دکاپلوئید (۲n=۱۰x=۷۰) متفاوت است، بیش‌تر آن‌ها پلی‌پلوئید بوده (٤۹) و مقدار C-value منوپلوئید در جنس فستوکا از ۱/۵۸ تا ٤/۰۳ پیکوگرم متغیر می‌باشد (۵۰). مطالعه گونه‌های فستوکا که در ایران رشد می‌کنند نشان می‌دهد که پلی‌پلوئیدی، تغییر در ساختار کروموزوم و مقدار DNA نقش مهمی در تکامل و تنوع این گروه دارد (۳٦). مطالعات گذشته نشان داده که به احتمال بالا تنوع ژنتیکی بین گونه‌ها به‌خاطر تغییرات درون‌گونه‌ای در مقدار DNA هسته رخ می‌دهد. هم‌چنین همبستگی بین اندازه ژنوم با ویژگی‌های رشد و نمو و خصوصیات آب و هوایی مشاهده شده است (۷). علاوه بر پلی‌پلوئیدی تفاوت در اندازه ژنوم یکی از مهم‌ترین فرایندهای تکاملی در گیاهان بوده و مطالعات زیادی ثابت کرده که تفاوت معنی‌دار در اندازه ژنوم با تکامل گونه‌ها و گروه‌بندی آن‌ها بر اساس شرایط بوم‌شناختی و منشاء جغرافیایی همبستگی دارد (۵۷). در مطالعات اصلاحی، بررسی‌های سیتوژنتیکی از قدم‌های اولیه محسوب شده زیرا تلاقی بین گونه‌هایی که دارای شباهت کروموزومی بالاتری هستند موفقیت‌آمیز بوده و تنوع در محتوی DNA می‌تواند ناشی از تغییر در ساختمان کروموزوم باشد که منجر به تنوع وسیع در ریخت‌شناسی می‌شود (۳۸). با توجه به این‌که ایران از مراکز مهم تنوع گیاهان علوفه‌ای است و برای توسعه این گیاهان از پتانسیل خوبی برخوردار است لازم است جهت استفاده از این ظرفیت، برنامه‌ریزی دقیقی انجام شود تا از این تنوع به نحو مطلوبی استفاده شود (٤٤). برای افزایش تولید و کاربرد گندمیان علوفه‌ای و چمنی روش‌های متداول اصلاح نباتات بیش‌ترین نقش را در بهبود ژنتیکی آن‌ها داشته است اما سرعت اصلاح

آن‌ها در مقایسه با گیاهان زراعی به دلایلی مانند چندساله و دگرگشن بودن کم‌تر است (۳٤). چندساله بودن، دگرگشنی و پلی‌پلوئیدی در گراس‌های دگرگشن موجب افزایش پیچیدگی ژنتیکی شده که با ایجاد ارقام ساختگی پرتولید و سازگار می‌توان به اصلاح آن‌ها پرداخت. ایجاد ارقام ساختگی نیازمند ارزیابی ژرم‌پلاسم، گزینش ژنوتیپ‌های برتر والدی و داشتن اطلاعات از پارامترهای ژنتیکی صفات می‌باشد (۱ و ۱۹). موفقیت برنامه‌های اصلاحی در گونه‌های گیاهی به مقدار تنوع ژنتیکی که تعیین‌کننده هتروزیس است بستگی داشته (۵۵) و استفاده از فاصله ژنتیکی برای تشخیص والدینی که می‌توانند هیبریدهای برتری تولید کنند بدون انجام تمام تلاقی‌های ممکن، کاربردی می‌باشد (۱۷). وجود تنوع ژنتیکی عامل مهمی در موفقیت اصلاح‌گر در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد (۳۱). یک روش سریع برای گزینش جوامع گیاهی و اصلاح عملکرد دانه، انتخاب بر اساس صفات ریخت‌شناسی با وراثت‌پذیری نسبتاً بالا است (۲۷). بالا بودن وراثت‌پذیری عمومی به احتمال زیاد نشان‌دهنده بیش‌تر بودن تنوع ژنتیکی نسبت به تنوع محیطی و هم‌چنین ادغام اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در جامعه موردنظر است (۳۷). سرعت پیشرفت اصلاح صفت تحت گزینش به وراثت‌پذیری خصوصی بستگی دارد (۱۲). برای صفاتی با وراثت‌پذیری خصوصی بالا گزینش در نسل‌های اولیه مؤثر بوده اما در صورت پایین بودن وراثت‌پذیری خصوصی گزینش در نسل‌های در حال تفکیک مؤثر نبوده لازم است گزینش تا نسل‌های پیشرفته به تعویق بیافتد (۲٦). باید در نظر داشت در گراس‌های چندساله برآورد وراثت‌پذیری با استفاده از مواد کلونی دارای دقت و درجه اطمینان بیش‌تری است (۳٤). در بررسی ژنوتیپ‌های علف باغ (*Dactylis glomerata*) بالاترین مقدار ضریب تنوع ژنتیکی برای صفات عملکرد بذر (٤۲/۲۸)، تعداد ساقه (۳۷/٤۸) و علوفه (۳۱/۳۸) مشاهده شد و بیش‌ترین مقدار وراثت‌پذیری برای صفات تعداد روز تا خوشه‌دهی (۹۰/۲)، تعداد روز تا گرده‌افشانی (۸۵/۱۲) و ارتفاع بوته (۸۵) دیده شد (۳٤). مطالعه ۵۰ ژنوتیپ فستوکای پابلند انتخاب شده بر اساس صفات عملکرد علوفه، تاریخ گرده‌افشانی و مقاومت در برابر بیماری زنگ، نشان داد که ضریب تنوع ژنتیکی برای صفات عملکرد بذر (٤۱/۲۷)، علوفه تر (۵۰۸٦۲۲/٦) و خشک (۳۰/٤۰) بالا بوده که نشان‌دهنده تنوع بالا در بین نمونه‌های مورد مطالعه برای این صفات است. تعداد روز تا ظهور خوشه، تعداد روز تا گرده‌افشانی و ارتفاع بوته واریانس ژنتیکی مطلوبی داشته و از قابلیت توارث عمومی بالایی برخوردار بودند (۳۳). در ارزیابی همگروهی تعدادی از ژنوتیپ‌های فستوکای پابلند مشخص شد که بالاترین ضریب تنوع ژنتیکی صفات در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه مربوط به عملکرد علوفه تر و خشک و کم‌ترین میزان آن در دو صفت تعداد روز تا گرده‌افشانی و ارتفاع بوته مشاهده شد (۱٤). در بررسی اندازه ژنوم درون جمعیت‌هایی از *Festuca pallens* با توجه به بالاتر بودن نسبت گیاهانی که اندازه ژنوم بزرگ‌تری دارند در جمعیت مورد مطالعه، نتیجه‌گیری شد که ژنوم بزرگ‌تر یک مزیت رقابتی را برای گیاه فراهم می‌کند و دلیل تغییرات مشاهده شده ممکن است به‌خاطر فعالیت ترانسپوزون‌ها می‌باشد (۵۰). اما در مطالعه دیگر با مقایسه مقدار DNA هسته در گونه‌های مختلف فستوکا با استفاده از PI و DAPI مشخص شد که ژنوم‌های کوچک از نظر تکامل دارای مزیت هستند (۵۱). هدف از این مطالعه بررسی تغییرات در مقدار نسبی DNA هسته، برآورد واریانس ژنتیکی، فنوتیپی، ضریب تغییرات فنوتیپی- ژنوتیپی و وراثت‌پذیری صفات مورفولوژیکی- فنولوژیکی در گیاه فستوکای پابلند جمع‌آوری‌شده از مناطق مختلف می‌باشد.

مواد و روش‌ها

جهت انجام این پژوهش در بخش بررسی صفات ریخت‌شناسی- فنولوژیکی ۲٤ ژنوتیپ (۲۰ ژنوتیپ خارجی و ٤ ژنوتیپ داخلی) از گیاه مرتعی فستوکای پابلند (*F. arundinacea*) با مشخصات جدول ۱ از بانک ژن منابع طبیعی مجتمع تحقیقاتی البرز وابسته به مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع تهیه شد. در اوایل بهار از هر یک از ژنوتیپ‌ها ۳-۲ عدد بذر در گلدان‌های کوچک به قطر ۱۰ سانتی‌متر و ارتفاع ۱۲ سانتی‌متر کشت شدند. وقتی ارتفاع بوته‌ها به ۸-۷ سانتی‌متر رسید، بوته‌ای که رشد بهتری داشت به مزرعه در مجتمع تحقیقاتی البرز وابسته به مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع منتقل گردید و آزمایش در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد. فستوکا گیاه دگرگشن بوده که گرده‌افشانی آن توسط باد انجام می‌شود. چون در پژوهش حاضر هدف تولید بذر و گزینش دوره‌ای نبود نیازی به کنترل گرده‌افشانی نیست. مجتمع تحقیقاتی البرز در طول جغرافیائی $51^{\circ}E$ و عرض جغرافیائی $35^{\circ}48'N$ در منطقه کرج واقع شده است. ارتفاع از سطح دریا این مجتمع ۱۳۲۱ متر، نوع خاک آن شنی‌رسی و pH خاک ۷/۷ است. هر کرت شامل ٦ بوته در یک ردیف بود. فواصل کشت بوته‌ها ۵۰ سانتی‌متر و فاصله ردیف‌ها نیز ۵۰ سانتی‌متر بود. در زمان کاشت، در فصل پاییز مقدار کیلوگرم در هکتار۵۰ نیتروژن به صورت کود اوره و ۱۰۰ کیلوگرم در هکتار کود سوپرفسفات‌تریپل (حاوی ٤٦ درصد اکسید فسفر (P_2O_5) مصرف گردید و آبیاری هر ۷ روز یکبار انجام شد. وجین علف هرز در سه نوبت به‌صورت دستی انجام صورت گرفت.

صفات ریخت‌شناسی- فنولوژیکی مورد بررسی: صفات ریخت‌شناسی- فنولوژیکی مورد بررسی شامل تاریخ خوشه‌دهی، زمان گرده‌افشانی، ارتفاع ساقه (سانتی‌متر)، تعداد ساقه در بوته یا تراکم ساقه، طول خوشه (سانتی‌متر)، وزن هزاردانه (گرم)، پایداری، عملکرد علوفه خشک (تن در هکتار)، عملکرد بذر (کیلوگرم در هکتار)، وزن بذر در ساقه، شاخص برداشت، تعداد بذر در ساقه، قدرت جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی و شاخص بنیه بذر بود.

مقدار DNA هسته‌ای: برای تعیین مقدار DNA هسته‌ای و سطح پلوئیدی به‌علت از بین رفتن یکسری از نمونه‌ها از ۱۵ ژنوتیپ فستوکای‌پابلند در بین ۲٤ ژنوتیپ (ژنوتیپ‌هایی که در جدول ۱ زیر آن‌ها خط کشیده شده) استفاده شد. در این پژوهش از رنگ DAPI[1] به‌عنوان فلوروکروم و گیاه جو واریته سلطان (*Hordeum vulgare* CV. Sultan) با 2C DNA=11.12 pg (٦) به‌عنوان استاندارد استفاده شد. توجه به این‌که دستگاه با اندازه‌گیری شدت نسبی فلورسنس، مقدار نسبی DNA را نشان می‌دهد، اندازه یک ژنوم ناشناخته را تنها پس از ترکیب با هسته‌های گیاه استاندارد که اندازه ژنوم آن شناخته شده است تخمین زده می‌شود (۵۹). جهت تخمین صحیح DNA هسته‌ای در هر یک از نمونه‌های مورد بررسی، سه گیاه و هر کدام با سه تکرار با استفاده از دستگاه فلوسایتومتر Partec CA II انجام شد. از برگ‌های جوان با طول عمر ۳ هفته برای استخراج DNA هسته استفاده شد.

1- 1-4-6- diamino-2-phenylindole

جدول ۱- کد و منشاء ژنوتیپ‌های مورد مطالعه *F. arundinacea*.

Table 1. Code and origin, of the studied genotypes of *F. arundinace.*

کد Code	نوع ژنوتیپ Genotype type	شماره ژنوتیپ Genotype number	کد Code	نوع ژنوتیپ Genotype type	شماره ژنوتیپ Genotype number
G1	خارجی Foreign	IRE 5,11,3	G13	خارجی Foreign	F.A.O 1346
G2	خارجی Foreign	IRE FESTORINA	G14	خارجی Foreign	Netherland 1610
G3	خارجی Foreign	IRE LUBRETTE	G15	خارجی Foreign	Australia 1414
G4	خارجی Foreign	IRE DOVEY	G16	داخلی Endemic	Alborz 1467
G5	خارجی Foreign	IRE AB1	G17	خارجی Foreign	Israel 1081
G6	خارجی Foreign	IRE A2210	G18	خارجی Foreign	Holland 1768
G7	داخلی Endemic	Sirachal 310	G19	خارجی Foreign	Belgium 1061
G8	خارجی Foreign	Seed-Ins VII	G20	خارجی Foreign	Australia 1418
G9	داخلی Endemic	Gorghan1 602	G21	خارجی Foreign	Australia 1417
G10	خارجی Foreign	Seed-Ins VIII	G22	خارجی Foreign	Australia 1420
G11	داخلی Endemic	Sanandeg 627	G23	خارجی Foreign	California 0.078
G12	خارجی Foreign	1269 U.S.A	G24	خارجی Foreign	U.S.A 1152

ژنوتیپ‌هایی که زیر آن‌ها خط کشیده شده است برای بررسی مقدار نسبی DNA هسته استفاده شدند.

The underline genotypes were used to measure the relative nuclear DNA amount.

روش استخراج هسته‌ها منطبق بر روش یوکایا و همکاران (۲۰۰۰) بوده که جهت تهیه سوسپانسیون هسته‌ای به مقدار مساوی از بافت برگ گیاه مورد مطالعه و گیاه استاندارد استفاده شد. مقدار ۵۰ میلی‌گرم از بافت برگ جوان و تازه در ٤۰۰ میکرولیتر بافر استخراج هسته‌ای Partec با استفاده از یک تیغ تیز و روی یخ، خرد کرده و از فیلتر ۵۰ میکرولیتر عبور داده شد. محلول فیلتر شده با ۱٦۰۰ میکرولیتر محلول رنگ‌آمیزی DAPI (۲ میکروگرم بر میلی‌متر) مخلوط شد. نمونه‌ها توسط دستگاه فلوسایتومتر در طول موج ٤۳۵ نانومتر و شدت نور ۱۰۰W آنالیز شدند. برای تخمین مقدار نسبی DNA

هسته‌ای با توجه به این موضوع که در این آزمایش از رنگ فلورسنس DAPI برای رنگ‌آمیزی DNA هسته‌ای استفاده شده است نمی‌توان مقدار دقیق DNA C-value به‌دست آورد، می‌توان آن را به‌طور نسبی تخمین زد که از رابطه ۱ استفاده می‌شود (۱۰).

$$\text{درصد نسبی DNA هسته} = \frac{\text{میانگین پیک G1 نمونه}}{\text{میانگین پیک G1 استاندارد}} \times ۱۰۰ \qquad (۱)$$

تجزیه آماری: داده‌های مقدار DNA هسته‌ای در قالب طرح کاملاً تصادفی مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفت و مقایسه میانگین به روش توکی (۵۳) صورت گرفت. محاسبه ضریب تغییرات ژنوتیپی (GCV)[1] و فنوتیپی (PCV)[2] با استفاده از رابطه زیر (۲ و ۳) انجام شد (٤٨).

$$GCV = \frac{\sqrt{Vg}}{\mu} \times 100 \qquad (۲)$$

$$PCV = \frac{\sqrt{VP}}{\mu} \times 100 \qquad (۳)$$

وراثت‌پذیری عمومی هر صفت از رابطه ٤ (١٦) به‌دست آمد که μ= میانگین، VG= واریانس ژنتیکی (رابطه ٦)، VP= واریانس فنوتیپی (رابطه ۷) و $h^2_{b.s}$ وراثت‌پذیری عمومی می‌باشد. محاسبه پیشرفت ژنتیکی (GA) با رابطه ۵ که K شدت گزینش انجام شد (۱۲). از نرم‌افزار Minitab 18، SAS 8.02 و Excel برای تجزیه آماری استفاده شد.

$$h^2_{b.s} = (VG/VP) \times 100 \qquad (٤)$$

$$GA = h^2_{b.s} K \sqrt{V_p} \qquad (۵)$$

$$Vg = MSG - MSE \qquad (٦)$$

$$Vp = Vg + Ve \qquad (۷)$$

نتایج و بحث

برآورد اجزای واریانس، ضرایب تنوع و قابلیت توارث: نتایج تجزیه واریانس بیانگر تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ صفات اندازه‌گیری‌شده می‌باشد. ضریب تغییرات ژنوتیپی نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی برای صفت بوده و هرچه تنوع در صفت بیش‌تر باشد انتخاب بر اساس آن‌ها منجر به پاسخ به گزینش بهتری خواهد شد (۳۷). واریانس ژنتیکی و فنوتیپی، تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی به‌عنوان درصدی از میانگین برای صفات مختلف ارزیابی می‌شوند. با توجه به جدول ۲ مشاهده می‌شود بالاترین ضریب تغییرات ژنتیکی به‌ترتیب برای صفات عملکرد بذر، شاخص برداشت، وزن بذر در ساقه و قدرت جوانه‌زنی وجود دارد که نشان‌دهنده تنوع بالا در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای این صفات می‌باشد. تشخیص صفات کمی که ضریب تنوع ژنتیکی بالایی دارند به استفاده از این صفات در برنامه‌های اصلاحی در جهت دستیابی به ژنوتیپ‌های مناسب و سازگار به شرایط متغیر محیطی کمک می‌کند (٤٠). ضریب تغییرات فنوتیپی نشان‌دهنده بخشی از تنوع کلی است اما ضریب تغییرات ژنوتیپی بیان‌کننده بخشی از تنوع و تغییراتی است که قابل توارث می‌باشد که باعث افزایش پاسخ به گزینش می‌شود و قابل‌اطمینان بودن یک متغیر انتخاب‌شده در

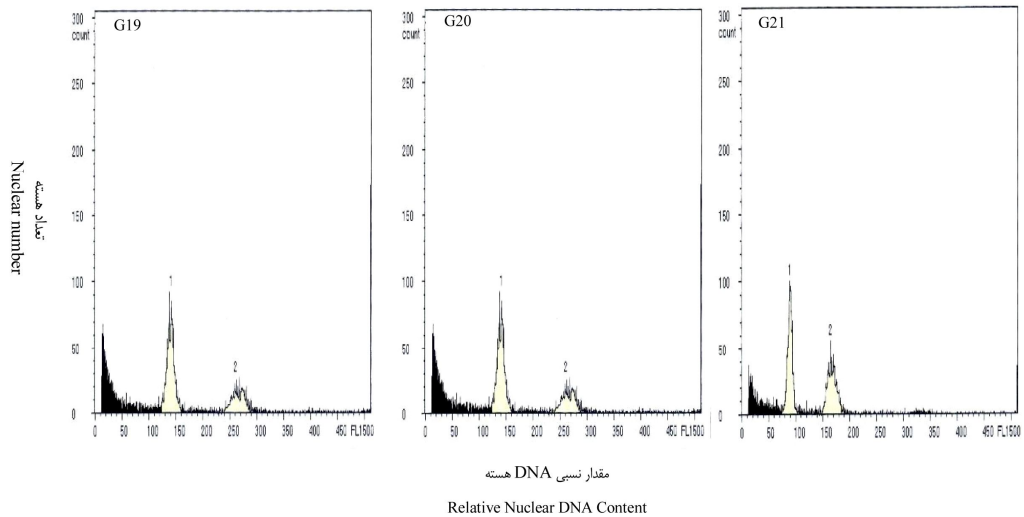
1- Genotypic coefficient of variation
2- Phenotypic coefficient of variation

برنامه اصلاحی به اندازه ضریب تغییرات ژنتیکی آن بستگی دارد. مطالعات قبلی روی گیاه مرتعی *Bromus inermis*، فستوکا پابلند و ذرت مشخص کرد که بالابودن ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی صفات نشان‌دهنده بالا بودن تنوع ژنتیکی در نمونه‌های مورد مطالعه و به‌دنبال آن بالا بودن کارایی انتخاب در این صفات و برعکس است (۵، ١٤ و ۳۳). در مطالعه ژنوتیپ‌های علف‌باغ نیز مشاهده شد که بالاترین تنوع مربوط به عملکرد بذر است (٣٤). تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌ویژه برای صفات مهم، نشان‌دهنده وجود پتانسیل ژنتیکی بالایی در ژرم‌پلاسم مورد مطالعه بوده که احتمال هتروزیس بالا در نسل‌های بعد را افزایش داده و احتمال گسترش واریته‌های پرمحصول را بالا می‌برد (١٤). البته قابل‌ذکر است که دگرگشنی، افزایش هتروزیگوتی و غالبیت یا اثرات متقابل اپیستازی ژن‌های کنترل‌کننده صفات باعث افزایش میزان هتروزیس می‌شوند (۳، ۲۳ و ۳۹). کم‌ترین میزان ضریب تغییرات ژنوتیپی در صفات تعداد بذر در ساقه و ارتفاع بوته دیده شد که مشخص می‌کند در بین ژنوتیپ‌ها نوعی یکنواختی نسبی از نظر این دو صفت وجود دارد و انتخاب بر اساس این صفات غیرقابل‌اطمینان و ناکارآمد است. کم‌ترین میزان تنوع در ژنوتیپ‌های علف باغ (٣٤) و ژنوتیپ‌های فستوکا (١٤) مربوط به ارتفاع بوته بود. اختلاف بین ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی در صفات تاریخ خوشه‌دهی، زمان گرده‌افشانی، ارتفاع ساقه، تعداد ساقه در بوته، قوه‌نامیه، وزن هزاردانه، سرعت جوانه‌زنی، قدرت جوانه‌زنی و تعداد بذر در بوته ناچیز بوده که بیانگر این که است شرایط محیطی کم‌تر این صفات را تحت‌تأثیر قرار داده است و انتخاب بر اساس این صفات با در نظر گرفتن وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی می‌تواند مؤثر باشد. این اختلاف برای صفت تعداد روز تا گرده‌افشانی در فستوکا (١٤)، آگروپیرون (۳۵)، اسپرس (۳۰)، تعداد روز تا خوشه‌دهی در آگروپیرون و اسپرس (۳۰ و ۳۵) نیز کم بود. وراثت‌پذیری پارامتر مهمی برای انتخاب مؤثر روش‌های اصلاح جمعیت‌هاست (٣٦) و در مطالعات ژنتیکی صفات کمی، قابل اطمینان بودن ارزش فنوتیپی برای اصلاح این صفات را پیش‌بینی می‌کند (۱۵). وراثت‌پذیری در طراحی برنامه‌های اصلاحی جهت تخمین پاسخ مورد انتظار به گزینش کاربرد دارد و هم‌چنین به اصلاحگر برای انتخاب روش‌های گزینشی مناسب برای اصلاح صفت و تعیین اهمیت نسبی اثرات ژنتیکی کمک خواهد کرد، اما مقدار وراثت‌پذیری برای یک صفت ویژه بسته به شرایط محیطی، نوع جمعیت مورد مطالعه و روش برآورد می‌تواند تغییر کند (۱۳،۲۵، ۲۸ و ٥٦). از طرف دیگر، با وجود این‌که وراثت‌پذیری عمومی به خوبی وراثت‌پذیری خصوصی نمی‌تواند سهم ژنتیکی تنوع را مشخص کند اما بالا بودن مقدار آن نشان‌دهنده انتقال نسبی بهتر صفات از والدین به نتاج می‌باشد (٤٦). محدودیت در برآورد وراثت‌پذیری خصوصی باعث شده که برآورد وراثت‌پذیری عمومی اگر به همراه پیشرفت ژنتیکی بالا باشد قابل‌اعتمادتر باشد (٤٣). با تقسیم‌بندی دامنه وراثت‌پذیری به سه دسته کم (بین ۲۵ تا ۵۰ درصد)، متوسط (بین ۵۰ تا ۷۵ درصد) و زیاد (بیش‌تر از ۷۵ درصد) (٣٤)، در این پژوهش میزان وراثت‌پذیری برای همه صفات مورد اندازه‌گیری به‌جزء طول خوشه بالاتر از ۷۵ درصد بوده که نشان‌دهنده احتمال انتقال این صفات از والدین به نسل‌های بعدی و مؤثر بودن گزینش برای این صفات در نسل‌های بعدی است. در مطالعه ژنوتیپ‌های علف باغ مشاهده شد که وراثت‌پذیری صفات ارتفاع بوته و تاریخ گرده‌افشانی بالا بود (٣٤). در فستوکای پابلند وراثت‌پذیری بالا برای صفت تعداد روز تا گرده‌افشانی (٣٤) و تاریخ ظهور خوشه

(۲۱) گزارش شد که نتایج این پژوهش را تأیید می‌کند. انتخاب تک‌بوته در نسل‌های اولیه برای صفاتی با وراثت‌پذیری بالا در مقایسه با صفاتی با وراثت‌پذیری کم‌تر ممکن است مؤثرتر باشد، هر چند برهمکنش محیط با ژنوتیپ وراثت‌پذیری را تحت‌تأثیر قرار می‌دهد (۳٦ و ۵۸). با وجود این‌که وراثت‌پذیری بالا نشان‌دهنده گزینش مؤثر بر اساس کارایی فنوتیپی بوده اما نمی‌تواند معیاری برای مقدار پیشرفت ژنتیکی در گزینش بهترین افراد باشد که این مورد با استفاده از پیشرفت ژنتیکی حاصل می‌شود (٤). ترکیب وراثت‌پذیری با پیشرفت ژنتیکی نسبت به وراثت‌پذیری تنها برای تخمین پاسخ به گزینش کاربردی‌تر می‌باشد (۲٤). از آن‌جایی‌که مرسوم‌ترین روش اصلاحی فستوکای پابلند ایجاد ارقام ترکیبی است (۱۸) و معرفی والدین مناسب و برتر اولین گام برای ایجاد این ارقام محسوب می‌شود (۱٤) به‌نظر می‌رسد وراثت‌پذیری عمومی به همراه پیشرفت ژنتیکی کارایی لازم را برای تعیین والدین برتر دارند. پیشرفت ژنتیکی برای صفات شاخص برداشت و وزن بذر در ساقه پایین بود که احتمالاً با وراثت‌پذیری بالای آن‌ها جبران می‌شود و مشخص شده همواره وراثت‌پذیری بالا با پیشرفت ژنتیکی بالا همراه نیست (۵۱). وراثت‌پذیری بالا به همراه پیشرفت ژنتیکی بالا نشان‌دهنده کنترل این صفات توسط ژن‌های افزایشی بوده که از طریق گزینش می‌توان آن‌ها را در برنامه‌های اصلاحی بهبود داد (٤). از طرف دیگر همراه بودن وراثت‌پذیری پایین با پیشرفت ژنتیکی پایین برای برخی صفات می‌تواند نشان‌دهنده وجود اثر غالبیت و اپیستازی در ژن‌های کنترل‌کننده این صفات باشد (۳۲). در این آزمایش وراثت‌پذیری بالا به همراه پیشرفت ژنتیکی بالا در صفات تاریخ خوشه‌دهی، زمان گرده‌افشانی و قدرت جوانه‌زنی مشاهده شد که می‌توان نتیجه‌گیری کرد این صفات معیارهای مطلوبی برای گزینش والدین در برنامه‌های دورگ‌گیری و تولید ارقام ترکیبی هستند.

آنالیزهای فلوسایتومتری مقدار DNA ژنومی: نتایج به‌صورت هیستوگرامی از پیک‌های G1 گیاه نمونه مورد بررسی و گیاه استاندارد در شکل ۱ ارائه شده است. بر اساس جدول ۳ بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ مقدار نسبی DNA هسته‌ای اختلاف بسیار معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۱ درصد (P≤۰/۰۰۱) وجود داشت که بیانگر تنوع درون گونه‌ای بسیار بالا در بین ژنوتیپ‌های مختلف فستوکای جمع‌آوری‌شده از مناطق مختلف است. بر اساس مقایسه میانگین (جدول ٤)، ژنوتیپ‌ها از نظر مقدار DNA هسته‌ای در ۷ گروه مجزا قرار می‌گیرند. با توجه به نتایج مشخص می‌شود که از لحاظ مقدار DNA نسبی ژنومی، ژنوتیپ‌های G13، G20 و G21 بیش‌ترین مقدار و ژنوتیپ‌های G22 و G16 کم‌ترین مقدار را دارند. مقدار DNA نسبی در ژنوتیپ G13 (۱۸۹/٤) ۱/٤۲ برابر مقدار DNA در ژنوتیپ G22 (۱۳۲/۹۳) می‌باشد (جدول ٤) که با توجه به مطالعه چپمن و همکاران (۲۰۰۳) می‌توان گفت که سطح پلوئیدی یکسانی دارند و بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر سطح پلوئیدی تفاوت معنی‌داری وجود ندارد. با توجه به مطالعات گذشته در محاسبه مقدار DNA هسته نسبت میانگین پیک نمونه به پیک استاندارد مهم بوده و هم‌چنین برای محاسبه دقیق سطح پلوئیدی به مقدار 1Cx نیاز است (۱۱، ۲۲، ٤۱ و ۵۲). با مقایسه رنگ‌آمیزی DAPI و PI در مگنولیا تفاوت معنی‌داری در اندازه ژنوم برآوردشده توسط این دو فلوروکروم مشاهده نشد (٤۱). تفاوت در مقدار DNA هسته در درون گونه و بین گونه‌های مختلفی از شبدر که ارزیابی شد مشاهده نشد اما اندازه ژنوم محاسبه شده در گونه‌های شمال آمریکا در مقایسه با گونه‌هایی با منشاء اوراسیا بیش‌تر بود (٤۵). همبستگی بین اندازه ژنوم و صفات

ریخت‌شناسی مرتبط با ریخت‌شناسی گیاه، عادت رشدی و تحمل بیماری زنگ در هر دو گونه وحشی و زراعی *Poa pratensis* مشاهده شد، هم‌چنین مشخص شد که تغییرات درون و بین‌جمعیتی در مقدار DNA در *Poa pratensis* وجود دارد (٤٢). مقایسه مقدار DNA گیاه *Hieracium lepidulum* در ٤ مکان نشان داد که تفاوت مقدار DNA ١/٢–١ برابر مقدار DNA گیاه استاندارد است که نشان می‌دهد همه آن‌ها سطح پلوئیدی یکسانی دارند (٩). در این پژوهش همبستگی بین مقدار نسبی DNA هسته در ژنوتیپ‌های مختلف با صفات مورد مطالعه محاسبه گردید و همبستگی معنی‌داری مشاهده نشد. مطالعه مقدار DNA هسته‌ای برای درک ژنوم جانداران ضروری است. در سطح جنسی تفاوت قابل تشخیص در اندازه ژنوم وجود دارد که برای متمایزکردن تاکسون‌ها[1] استفاده می‌شود (٦٠). مطالعات فیلوژنتیک نشان می‌دهد که تنوع در اندازه ژنوم در سوسن (Lilium) به احتمال زیاد ناشی از رانش ژنتیکی یا تکامل طبیعی است (١٣). با توجه به تنوع مقدار DNA هسته در بین و درون گونه‌ها در مطالعات انجام شده، انتظار می‌رفت بین ژنوتیپ‌های مختلف گیاه *F. arundinacea* مقدار DNA هسته‌ای متفاوت باشد که با توجه به تجزیه‌های انجام شده توسط فلوسایتومتری همین نتیجه به‌دست آمد. با در نظر گرفتن این موضوع که منشاء جغرافیایی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه متفاوت است و هم‌چنین با توجه با این‌که مقدار DNA هسته‌ای در *F. arundinacea* در پاسخ به محرک‌های محیطی سریع تغییر می‌کند (٨)، متفاوت بودن مقدار DNA هسته‌ای مورد انتظار است. با توجه به پژوهش‌های پیشین، احتمالاً علت تغییر در مقدار نسبی DNA هسته‌ای در فستوکای پابلند به دلایل وجود کروموزوم B و نقش مقدار DNA هسته در سازگاری‌های محیطی (٩) و تغییر در طول کروموزوم (٥٤) باشد. توصیه می‌شود در پژوهش‌های آینده موارد ذکر شده بررسی شود.



شکل ١- هیستوگرام‌های حاصل از تجزیه و تحلیل فلوسایتومتری برخی ژنوتیپ‌های مورد (پیک ١ و ٢ به‌ترتیب مربوط به گیاه استاندارد *Hordeum vulgare* cv. Sultan و فستوکای پابلند).

Fig. 1. FCM histograms in the some studied genotypes (peak 1 and 2 are related to standard plant and *F. arundinacea*).

١- به هر سطح رده‌بندی گفته می‌شود

جدول ۲- برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه در *F. arundinacea*.

Table 2. Estimation of genetic parameters for the studied traits in the *F. arundinacea*.

پیشرفت ژنتیکی Genetic advance	وراثت‌پذیری heritability	ضریب تغییرات ژنوتیپی (درصد) Genotypic coefficient of variation	ضریب تغییرات فنوتیپی (درصد) Phenotypic coefficient of variation	واریانس ژنوتیپی Genotypic variance	واریانس فنوتیپی Phenotypic variance	صفت Trait
1149.32	0.93	14.48	14.98	33.327	35.650	تاریخ ظهور خوشه Day to head emergence
980.69	0.91	9.71	10.17	24. 897	27.350	زمان گرده‌افشانی Flowering date
172.66	0.91	0.89	0.93	0.767	0.837	ارتفاع ساقه Plant height
179.38	0.93	2.18	2.26	0.815	0.877	تعداد ساقه در بوته No. stem per plant
291.22	0.66	8.31	10.20	3.013	4.543	طول خوشه Spike length
73.96	0.95	17.84	18.22	0.134	0.140	وزن هزاردانه 1000-seed weight
114.05	0.82	1.14	1.26	0.593	0.720	قوه نامیه Germination percentage
50.81	0.89	17.36	18.35	0.068	0.076	سرعت جوانه‌زنی Germination rate
3218.44	0.90	34.15	35.86	269.063	296.586	قدرت جوانه‌زنی Germination vigor
120.32	0.75	15.49	17.87	0.454	0.603	پایداری Stability
153.10	0.85	17.68	19.17	0.649	0.763	عملکرد علوفه Forage yield
171.19	0.91	137.04	142.91	0.751	0.817	عملکرد بذر Seed yield
19.43	0.86	39.19	42.23	0.010	0.012	وزن بذر در ساقه Seed weight per stem
19.64	0.90	75.67	79.36	0.010	0.011	شاخص برداشت Harvest Index
156.32	0.86	0.62	0.67	0.667	0.773	تعداد بذر در بوته No. seed per plant

جدول ۳- تجزیه واریانس داده‌های فلوسایتومتری.

Table 3. Mean squares (MS) of ANOVA FCM data.

MS	df	منابع تغییرات Sources of variance
2.65***	14	ژنوتیپ Genotype
0.169	30	خطا Error
	44	کل Total
8.22%		ضریب تغییرات (درصد) CV%

*** معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۱ درصد.

*** Significant at 0.1% levels.

جدول ٤- مقایسه میانگین (±SE) مقدار DNA هسته‌ای فستوکا در مقایسه با گیاه رفرانس جو.

Table 4. Mean comparison of nuclear DNA amount in *F. arundinacea* compared to the reference plant (*Hordeum vulgare* cv. Sultan; DNA C-value=11.12pg).

درصد نسبت DNA هسته‌ای فستوکا در مقایسه با گیاه استاندارد جو Percentage nuclear DNA ratio in *F. arundinacea* compared to the reference plant (*Hordeum vulgare*)	ژنوتیپ Genotype
161.60±1.2 ^{cde}	G1
160±1.15 ^{def}	G8
161.46±0.676 ^{bcde}	G10
189.4±0.244 ^{a}	G13
160.18±0.209 ^{de}	G14
173.54±0.371 ^{abcd}	G15
133.01±0.123 ^{g}	G16
160.39±1.17 ^{de}	G17
161.16±0.834 ^{cde}	G18
159.48±0.209 ^{efg}	G19
188.33±0.711 ^{ab}	G20
187.45±0.942 ^{abc}	G21
132.93±0.398 ^{fg}	G22
158.3±1.45 ^{efg}	G23
162.54±0.797 ^{bcde}	G24

نتیجه‌گیری کلی

صفات تاریخ خوشه‌دهی، زمان گلدهی و قدرت جوانه‌زنی به‌علت تأثیرپذیری کم‌تر از محیط، داشتن وراثت‌پذیری بالا به همراه پیشرفت ژنتیکی بالا معیارهای مناسبی برای گزینش والدین در برنامه‌های دورگ‌گیری و تولید ارقام ترکیبی هستند. البته باید در نظر داشت که با توجه به این‌که وراثت‌پذیری خصوصی تعیین‌کننده بازده ناشی از انتخاب می‌باشد، بهتر است تصمیم‌گیری نهایی بر مبنای مطالعات تکمیلی صورت پذیرد. از طرف دیگر تغییر در مقدار DNA هسته درون *F. arundinacea* می‌تواند عاملی در تکامل این گونه باشد. با توجه به رابطه اندازه ژنوم در *F. arundinacea* (۹) و Lilium (۱۳) با متغیرهای آب و هوایی شاید بتوان تنوع ژنتیکی مشاهده شده برای صفات ریخت شناسی و نسبت مقدار DNA برای ژنوتیپ‌های مختلف *F. arundinacea* را به متفاوت بودن مناطق جغرافیایی که ژنوتیپ‌های مختلف جمع‌آوری شده‌اند نسبت داد که نوعی سازگاری گیاه با شرایط محیطی می‌باشد. قابل‌ذکر است با توجه به مطالعات گذشته مبنی بر نامناسب بودن فلوروکروم DAPI در برآورد اندازه ژنوم (٤١) پیشنهاد می‌شود که در مطالعات آینده با استفاده از فلووکروم PI اندازه ژنوم به‌طور دقیق برآورد شود.

منابع

1. Amini, F., Majidi, M.M. and Mirlohi, A. 2013. Genetic and genotype × environment interaction analysis for agronomical and some morphological traits in half-sib families of tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb.). Crop Sci. 53: 411-421. (In Persian)
2. Amini, F., Mirlohi, A.F., Majidi, M.M., Amini, F. and Dastjerd, H. 2013. Realationship between forage yield and its components in first generation of five synthetic varieties of tall fescue (*Festuca arundinacea*). Iran J. Range. For. Plant Breed. Gen. Res. 21: 1. 119-131. (In Persian)
3. Bagheri, N.A., Babaeian Jelodar, N.A. and Pasha, A. 2011. Heterosis and combining ability analysis for yield and related yield traits in hybrid Rice. J. Crop Breed. 3: 7. 11-26.
4. Beikzadeh, H., Alavi Siney, S.M., Bayat, M. and Ezady, A.A. 2015. Estimation of genetic parameters of effective agronomical traits on yield in some of Iranian rice cultivar. Appl. Field Crop Res. 104: 73-78. (In Persian)
5. Bello, O.B., Ige, S.A., Azeez, M.A., Afolabi, M.S., Abdulmaliq, S.Y. and Mahamood, J. 2012. Heritability and genetic advance for grain yield and its component characters in Maize (*Zea mays*). Int. J. Plant Res. 2: 5. 138-145.
6. Bennett, M.D., Bhandol, P. and leitch, I.J. 2000. Nuclear DNA amounts in angiosperms and their modern uses- 807 new estimates. Ann Bot. 86: 859-909.
7. Caccarelli, M., Falistoco, E. and Cionini, P.G. 1992. Variation of genome size and organization within hexaploid *Festuca arundinacea*. Theor. Appl. Gen. 83: 273-278.
8. Caccarelli, M., Giordani, T., Natali, L., Cavallini, A. and Cionini, P.G. 1997. Genome plasticity during seed germination in *Festuca arundinacea*. Theor. Appl. Gen. 94: 3-4. 309-315.
9. Chapman, H., Pearson, M.L. and Robson, B. 2003: Genetic diversity in tussock hawkweed (*Hieracium lepidulum*) and use of allele frequencies for identifying patterns of spread. DOC Sci. Inter. Series. 109: 5-19.
10. Chen, J., Xia, N., Wang, X., Bichard, C., Beeson, Jr. and Chen, J. 2017. Ploidy level, karyotype and DNA content in the genus Lonicera. Hort. Sci. 52: 12. 1680-1686.

11. Dolezel, J. and Bartos, J. 2005. Plant DNA flow cytometry and estimation of nuclear genome size. Ann. Bot. 95: 99-110.
12. Dorri, P., Khavari-Khorasani, S., Valizadeh, M. and Taheri, P. 2014. The study of inheritance and gene effects on yield and agronomic traits of early generations of genetic maize Dehghan (KSC400). Plant Gen. Res. 1: 2. 33-42. (In Persian)
13. DU, Y.P., Zhang, M.F., Yang, F.P., Jia, G.X. and Zhang, X.H. 2017. Genome size diversity in Lilium (Liliaceae) is correlated with karyotype and environmental traits. Front Plant Sci. 8: 1-11.
14. Ebrahimian, M., Majidi, M.M. and Mirlohi, A.F. 2012. Clonal evaluation and estimation of genetic similarity of tall fescue genotypes (*Festuca arundinacea* Schreb). J. Plant Prod. Res. 19: 3. 91-108. (In Persian)
15. Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Benjamin Cummings, England, Pp: 245-247.
16. Falconer, D.S. 1989. Introduction to quantitative genetics. Logman Scientific and technical logman house, Burnt Mill, Harlow, Essex, England.
17. Fan, X.M., Zhang, Y.M., Yao, W.H., Chen, H.M., Tan, J., Xu, C.X., Han, X.L., Luo, L.M. and Kang, M.S. 2009. Classifying maize inbred lines into heterotic groups using a factorial mating design. Agron. J. 101: 106-112.
18. Ha, S.B. 2000. Transgenic tall fescue. In: Bajaj, Y.P.S. (Ed.), Biotechnology in agriculture and forestry. Springer-Verlag, Berlin. Pp: 127-146.
19. Halluer, A.R.., Marcelo, J.C. and Miranda, J.B. 2010. Quantitative Genetic in Maize Breeding. Iowa State University Press, Ames Iowa, USA.
20. Imani, A.A., Jafari, A.A., Chokan, R., Asgari, A. and Darvish, F. 2009. Study of quantities and quality forage yield on 36 population of tall fescue (*Festuca arundinacea*) order to introduce for pasture and rangelands improvement in Ardabil province. J. Range. Des. Res. 15: 4. 493-507. (In Persian)
21. Jafari, A.A. and Javarsineh, S.H. 2006. Estimation of heritability and genetic gain of forage yield and quality in parents and H-sib families of tall fescue (*Festuca arundinacea*). The 1th Iranian Forage plants congress, Tehran, Iran. (In Persian)
22. Jones, J.R., Ranney, T.G. and Lynch, N.P. 2007. Ploidy levels and relative genome sizes of diverse species, hybrids and cultivars of Rhododendron. J. Am. Prod. Soc. Pp: 220-227.
23. Kaeppler, S. 2012. Heterpsis:many genes, many mechanisms-end the search for an undiscovered unifying theory. Inter. Sci. Res. Notics. Pp: 1-12.
24. Kanouni, H., Shahab, M.R., Imtiaz, M. and Khalili, M. 2012. Genetic variation in drought tolerance in chickpea (*Cicer arientinum* L.) genotypes. Crop Breed. J. 2: 2. 133-138.
25. Kashiani, P., Saleh, G., Abdullah, N.A.P. and Abdullah, S.N. 2010. Variation and genetic studies on selected sweet corn inbred lines. Asian J. Crop Sci. 2: 2. 78-84.
26. Kumar, P., and Gupta, S.C. 2003. Genetic analysis in maize (*Zea mays* L.). J. Res. Birsa. Agric. Univ. 15: 1. 107-110.
27. Lafitte, H.R., Price, A.H. and Courtois, B. 2004. Yield response to water deficit in an upland rice mapping population: associaations among traits and genetic markers. Field Crops Res. 6: 1237-1246.
28. Laghari, K.A., Sial, M.A., Afzal Arain, M.A., Mirbahar, A.A., Pirzada, A.J., Dahot, M.U. and Mangrio, S.M. 2010. Heritability studies ofyield and yield associated traits in bread wheat. Pak. J. Bot. 42: 1. 111-115.
29. Majidi, M.M. and Mirlohi, A. 2010. Genetic similarities among Iranian populations of Festuca, Lolium, Bromas and Agropyron using amplified fragments length polymorphism (AFLP) markers. Iran J. Biotechnol. 8: 1. 57-70. (In Persian)
30. Majidi, M.M. and Arzani, A. 2010. Evaluation of yield potential and genetic variation of morphological, agronomic and qualitative traits in Sainfoin populations (*Onobrychis viciifolia* Scop). J. Sci. Technol. Agric. Natur. Resour. 3: 557-571. (In Persian)

31.Mardi, M., Talei, A.R. and Omidi, M. 2003. Study of genetic diversity and identification of yield components in Desi Chickpea. Iran J. Field Crop Res. 34: 345-351.
32.Mendez-Natera, J.R., Rondon, A., Hernandez, J. and Merazo-Pinto, F. 2012. Genetic studies in upland cotton genetic parameters, correlation and path analysis. Sabrao J. Breed. Gen. 44: 1. 112-128.
33.Mohammadi, R., Khayam Nekouei, M. and Mirlohi, A.F. 2009. Genetic variation and heritability of several quantitative traits in selected genotypes of tall fescue. Iran J. Range. For. Plant Breed. Gen. Res. 16: 2. 254-272. (In Persian)
34.Mohammadi, R., Khayam Nekouei, M., Majidi, M.M. and Mirlohi, A. 2011. Estimation of yield potential and genetic variation of Orchard grass genotypes (*Dactylis glomerata*). Crop Prod. Res. 3: 2. 139-158. (In Persian)
35.Mohammadi, R., Majidi, M.M., Khayam Nekouei, M. and Mirlohi, A. 2010. Genetic variation of clonally propagated tall wheat grass genotypes (*Agropyron elongatum*). Iran J. Field Crop Sci. 41: 2. 355-364. (In Persian)
36.Mohsin, T., Khan, N. and Nasir Naqvi, F. 2009. Heritability, phenotypic correlation and path coefficient studies for some agronomic characters in synthetic elite lines of wheat. J. Food Agric. Environ. 7: 3&4. 278-282.
37.Moosavi, S.S., Jalalifar, S., Abdolahi, M.R. and Chaichi, M. 2014. Evaluation of diversity and heritability of some morphological traits in breed wheat under stress and normal conditions. J. Agron. Sci. 6: 9. 37-54. (In Persian)
38.Mosivand, M., Payamnoor, M., Hassani, D. and Jaffaraghaei, M. 2014. DNA content and ploidy level of walnut species and inter-specific hybrids by flow cytometry. J. Wood For. Sci. Technol. 21: 3. 183-194. (In Persian)
39.Nabipour, M., Farsi, M., Neamati, H. and Malekzadeh, S. 2012. Evaluation Genetic diversity of tomato genotypes using AFLP markers and its relationship with heterosis. Iran Agric. Res. 10: 354-360. (In Persian)
40.Naderi, A. 2016. Genetic analysis of grain yield, grain yield components and some phonological traits of triticale genotypes. J. Plant Prod. 39: 3. 1-4.
41.Parris, J.K., Ranney, T.G., Knap, H.T. and Baird, W.V. 2010. Ploidy levels, relative genome sizes and basic pair composition in Magnolia. J. Am. Soc. Hort. Sci. 135: 6. 533-547.
42.Raggi, L., Bitocchi, E., Russi, L., Marconi, G., Shaarbel, T.F., Veronesi, F. and Albertini, E. 2015. Understanding Genetic Diversity and Population Structure of a *Poa pratensis* Worldwide Collection through Morphological, Nuclear and Chloroplast Diversity Analysis. Plos One. 10: 4. 1-22.
43.Ramanujam, S. and Thirumalachar, D.K. 1967. Genetic variability of certain characters in red pepper (*Capsicum annum*). Mysore J. Agric. Sci. 1: 30-36.
44.Riasat, M., Jafari, A.A. and Nasirzadeh, A.R. 2014. Multivariate analysis of yield and quality traits in *Elymus hispidus* accessions under grayland farming system in Shiraz, Iran. Iran J. Range. For. Plant Breed. Gen. Res. 22: 2. 291-301. (In Persian)
45.Rizza, M.D., Real, D., Reyno, R., Porro, V., Burgueno, J., Errico, E. and Quesenberry, H. 2007. Genetic diversty and DNA content of three South American and three Eurasiatic Trifolium species. Gen. Mol. Biol. 30. 4: 1118-1124.
46.Sadrabady, R., Marashi, H. and Nasseri, M. 1996. Principles of cultivar development, theory and technique. Ferdowsi University of Mashhad Puplication. Mashhad, Iran. (In Persian)
47.Saha, M.C., Mian, R., Zwonitzer, J.C., Chekhovskiy, K. and Hopkins, A.A. 2005. An SSR-and AFLP-based genetic linkage map of tall fescue (*Festuca arundinacea*). Theor. App. Gen. 110: 2. 323-336.
48.Singh, R.K. and Chaudhary, B.D. 1985. Biometrical methods in quantitative analysis. Kalayani Publishers. New Delhi.

49. Smarda, P. and Stancık, D. 2006. Ploidy level variability in South American fescues (*Festuca*, *Poaceae*), use of flow cytometry in up to 5-year-old caryopses and herbarium specimens. Plant Biol. 8: 73-80.
50. Smarda, P., Bures, P., Horova, L. and Rotreklova, O. 2008. Intrapopulation genome size dynamics in *Festuca pallens*. Ann. Bot. 102: 599-607.
51. Smarda, P., Bures, P., Horova, L., Foggi, B. and Rossi, G. 2008. Genome size and GC content evolution of Festuca: ancestral expansion and subsequent reduction. Ann Bot. 101: 421-433.
52. Suda, J., Krahulcova, A., Travnicek, P. and Krahulec, F. 2006. Ploidy level versus DNA ploidy level: an appeal for consistent terminology. Taxon. 55: 2. 447-450.
53. Suda, J., Kyncl, T. and Freiova, R. 2003. Nuclear DNA amounts in macaronesian angiosperms. Ann. Bot. 92: 153-164.
54. Swanson, C.P., Merz, T. and Yong, W.G. 1981. Cytogenetics: The chromosome in division, inheritance and evaluation, 2nd end. Prentice-Hall, USA.
55. Teklewold, A. and Becker, H.C. 2006. Comparison of phenotypic and molecular distances to predict heterosis and F1 performance in Ethiopean mustard (*Brassica carinata* A. Braun). Theor. Appl. Gen. 112: 752-759.
56. Waqar-Ul-Haq, M., Malik, F., Rashid, M.M., Unir, M. and Akram, Z. 2008. Evaluation and estimation of heritability andgenetic advancement for yield related attributes in wheat lines. Pak. J. Bot. 40: 4. 1699-1702.
57. Weiss-Schneeweiss, H., Greilhuber, J. and Schneeweiss, G.M. 2006. Genome size evolution in holoparasitic Orobanche (Orobanchaceae) and related genera. Am. Bot. 93: 148-156.
58. Yaghotipour, A. and Farshadfar, A. 2018. Evaluation of genetic diversity of durum wheat (*Triticum durum*) genotypes based on physiological and biochemical traits in non-tension conditions. Crop Physiol. J. 10: 37. 35-48. (In Persian)
59. Yokaya, K., Roberts, A.V., Mottley, J., Lewist, R. and Brandaham, P.E. 2000. Nuclear DNA amounts in Roses. Ann. Bot. 85: 557-561.
60. Zonneveld, B.J.M., Leitch, I.J. and Bennett, M.D. 2005. First nuclear DNA amount in more than 300 angiosperms. Ann. Bot. 96: 229-244.