Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 15, No 47, Autumn 2023 p: 206-218

"Research Paper"

Investigating the Genetic Diversity of Iranian and Foreign Cultivars of Soybean (Glycine max) using Morphological Characteristics

Fereydon Bameri[1], Masoud Ahmadi-Afzadi[2], Mehdi Rahimi[3] and Saeid Mirzaei[4]

1- M.Sc. Student, Department of Biotechnology, Institute of Science, High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran
2- Assistant Professor, Department of Biotechnology, Institute of Science, High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran,
(Corresponding author: m.ahmadiafzadi@kgut.ac.ir)
3- Assistant Professor, Department of Biotechnology, Institute of Science, High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran
4- Assistant Professor, Department of Biotechnology, Institute of Science, High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran
Received: 9 September, 2022 Accepted: 7 June, 2023

Extended Abstract

Introduction and Objective: Soybean is a perennial and diploid plant (n2=40x2) and one of the most important plants for providing protein and fodder. Soy has been the food of Asian people, especially China, for centuries, and Chinese people consume it along with rice as their main food. The United States of America is the largest producer of soybeans and produces almost two-thirds of the world's crop. In Iran, soybeans are known as (oily beans), (Chinese beans), soja, and soybeans. By using new and high-yield varieties, the economic performance of this product can be increased. Therefore, the selection criteria of parents should be considered not only in terms of agricultural value, but also for lack of genetic differentiation. The production of new and improved cultivars can be increased with new sources of genetic diversity. Therefore, the selection criteria of parents' shares should be considered not only in terms of agricultural value, but also for lack of genetic differentiation. Therefore, understanding the genetic diversity of soybean germplasm is necessary to broaden the genetic base and use it more in the breeding program.

Materials and Methods: In this research, the number of 21 soybean varieties based on the characteristics of fresh and dry weight of whole plant, leaf fresh and dry weight, turgor index, RWC, leaf length, leaf width, leaf area, plant height, number of lateral branches, number of nodes and distance between Nodes were investigated in the form of a completely randomized experimental design in five replications in the year 1400 at the Research Institute of Environmental Sciences, University of Postgraduate Studies of Industry and Advanced Technology.

Results: The highest amount of fresh weight (452.1 grams) was related to (F3) DM and BUNYA cultivars and the highest number of nodes (30.4) was related to NAHO, NOD-139 and ROSE cultivars. The lowest amount of fresh weight (107.22 grams) was related to BRAGG variety and the lowest number of knots (8.8) was related to BRAGG variety. The highest number of lateral branches (9) was related to the variety KATOL and the lowest distance of the number of lateral branches (2) was related to the variety S355-4. The highest relative amount of water (RWC) (1.77) was related to SALAND and DM(F3) varieties and the lowest relative amount of water (RWC) (48.4) was related to FORREST variety.

Conclusion: Considering that the DM(F3) variety has the highest biomass (wet weight and dry weight), relative water index content (RWC) and turgor index, it can be used as a suitable parent in crossbreeding projects for soybean genetic improvement.

Keywords: Biomass Index, Cultivar DM (F3), Number of Lateral Branches, Relative Water Content, Soybean

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

"مقاله پژوهشی"

بررسی تنوع ژنتیکی ارقام ایرانی و خارجی سویا (*Glycine max*) با استفاده از خصوصیات مورفولوژیکی

فریدون بامری[۱]، مسعود احمدی افزادی[۲]، مهدی رحیمی[۳] و سعید میرزایی[۴]

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم، تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران

۲- استادیار، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم، تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان ایران، (نویسنده مسوول: m.ahmadiafzadi@kgut.ac.ir)

۳- استادیار، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم، تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان

۴- استادیار، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم، تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۶/۱۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۲/۱۷

صفحه: ۲۰۶ تا ۲۱۸

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: سویا گیاهی چندساله و دیپلوئید (۲n=2x=۴۰) و یکی از مهم‌ترین گیاهان برای تأمین پروتئین و علوفه می‌باشد. سویا قرن‌هاست که غذای مردم آسیا مخصوصاً چین بوده است و مردم چین آن را همراه با برنج به‌عنوان غذای اصلی خودمصرف می‌کنند. ایالات‌متحده آمریکا بزرگ‌ترین تولیدکننده سویا می‌باشد و تقریباً دوسوم محصول کل دنیا را تولید می‌کند. سویا در ایران بنام (لوبیا روغنی)، (لوبیا چینی) سوژا و دانه سویا معروف است. با بهره‌گیری از ارقام جدید و پربازده، می‌توان عملکرد اقتصادی این محصول را افزایش داد؛ بنابراین معیارهای انتخاب والدین نه‌تنها ازنظر ارزش زراعی بلکه برای عدم تمایز ژنتیکی نیز باید در نظر گرفته شود. تولید ارقام جدید و بهبودیافته را می‌توان با منابع جدید تنوع ژنتیکی افزایش داد؛ بنابراین معیارهای انتخاب سهم والدین نه‌تنها ازنظر ارزش زراعی بلکه برای عدم تمایز ژنتیکی نیز باید در نظر گرفته شود؛ بنابراین، درک تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم سویا برای گسترده‌تر کردن پایه ژنتیکی و استفاده بیشتر از آن در برنامه تولیدمثل ضروری است.

مواد و روش‌ها: در این تحقیق تعداد ۲۱ رقم سویا بر اساس صفات وزن تر و خشک گیاه، وزن تر و خشک برگ، شاخص تورژسانس، RWC، طول و عرض برگ، سطح برگ، ارتفاع گیاه، تعداد شاخه‌های جانبی، تعداد گره و فاصله بین گره‌ها، در قالب طرح آزمایشی به‌صورت کاملاً تصادفی در پنج تکرار در سال ۱۴۰۰ در پژوهشکده علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، مورد بررسی قرار گرفتند.

یافته‌ها: بیشترین میزان وزن تر (۴۵۲/۱ گرم) مربوط به ارقام DM(F3) و BUNYA و بیشترین تعداد گره (۳۰/۴) مربوط به ارقام NAHO، NOD-139 و ROSE بود. کمترین میزان وزن تر (۱۰۷/۲۲ گرم) مربوط به رقم BRAGG و کمترین تعداد گره (۸/۸) مربوط به رقم BRAGG بوده است. بیشترین تعداد شاخه‌های جانبی (۹)، مربوط به رقم KATOL و کمترین فاصله تعداد شاخه جانبی (۲) مربوط به رقم S355-4 بوده است. بیشترین مقدار نسبی آب (RWC) (۷۷/۱) مربوط به ارقام SALAND و DM(F3) و کمترین مقدار نسبی آب (RWC) (۴۸/۴) مربوط به رقم FORREST بوده است.

نتیجه‌گیری: با توجه به اینکه رقم DM(F3) دارای بیشترین زیست‌توده (وزن تر و وزن خشک)، محتوای شاخص نسبی آب (RWC) و شاخص تورژسانس بوده لذا می‌تواند به‌عنوان والد مناسب در پروژه‌های تلاقی برای بهبود ژنتیکی سویا استفاده شود.

واژه‌های کلیدی: تعداد شاخه جانبی، رقم DM(F3)، سویا، شاخص زیست توده، محتوای نسبی آب

مقدمه

سویای زراعی، سویای وحشی و ۲۳ گونه گلایسین چندساله، گیاهانی دیپلوئید (۲n=2x=۴۰) هستند. توده‌های G. hirticaulis و G. tabacina دارای اعداد کروموزومی دیپلوئید (۲n=2x=۴۰) و تتراپلوئید (۲n=4x=۸۰) هستند. در مقابل، G. tomentella شامل توده‌هایی با چهار سیتوتیپ (۸۰، ۷۸، ۴۰، ۲x=۳۸) است. تبادل ژن‌های مفید بین این گونه‌های گلایسین چندساله وحشی و سویا به‌دلیل موانع مختلف محدود شده است ولی با ایجاد دو رگ‌گیری با کمک نجات بذر نابالغ و دست‌کاری‌های سیتوژنتیکی امکان‌پذیر می‌باشد (Liu *et al*., 2021; Singh, 2019). زیر جنس گلایسین شامل ۲۶ گونه است؛ که اکثر آن‌ها وحشی، چندساله و بومی استرالیا و اطراف آن هستند. گونه‌های گلایسین چندساله ویژگی‌هایی از قبیل مقاومت در برابر تنش‌های زیستی و تحمل به تنش‌های غیرزنده را به ارث می‌برند. تاکنون از طریق تلاقی‌های بین‌گونه‌ای بین ارقام وحشی و اهلی سویا، ارقام با خصوصیات خاص به‌طور موفقیت‌آمیزی تولید شده‌اند (Chung & Singh, 2008; Yang *et al*., 2020).

تولید ارقام جدید و بهبود یافته را می‌توان با منابع جدید تنوع ژنتیکی افزایش داد(Jomeh Ghasem Abadi *et al*., 2019; Tabatabaee *et al*., 2018)؛ بنابراین معیارهای انتخاب سهم والدین نه‌تنها ازنظر ارزش زراعی بلکه برای عدم تمایز ژنتیکی نیز باید در نظر گرفته شود؛ بنابراین، درک تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم سویا برای گسترده‌تر کردن پایه ژنتیکی و استفاده بیشتر از آن در برنامه تولیدمثل ضروری است(Kumawat *et al*., 2015; Majidian *et al*., 2022). از طرفی، افزایش توان ژنتیکی اکثر محصولات کشاورزی تا حد زیادی به تنوع ژنتیکی موجود بستگی دارد. برآورد تنوع ژنتیکی و شناسایی مقدار تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های خاص، نیاز اصلی برای به نژادی است. ارزیابی تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت‌ها به‌طورمعمول بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی، نشانگرهای بیوشیمیایی و با استفاده از تکنیک‌های مختلف نشانگر مولکولی انجام می‌شود

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]

Ahmand *et al*., 2017; Janipour *et al*., 2018;) Kumar *et al*., 2022). تنوع ژنتیکی ۴۵ ژنوتیپ سویا بر اساس ۱۱ صفت مورفولوژیکی (شکل برگ، شدت رنگ سبز برگ، اندازه برگچه جانبی، عادت رشد گیاه، تنوع در رنگ هیوم، رنگ لپه/گل، پرمویی، رنگ مو، رنگ غلاف، رنگ بیضه. و شکل دانه) بررسی شده است (Kachare *et al*., 2020). لازم است تنوع ژنتیکی صفات مورفولوژیکی در بین ژنوتیپ‌های سویا بررسی و بر اساس تنوع ژنوتیپی (genotypic variation) و تنوع فنوتیپی (phenotypic variation) صفات مورد بررسی، همه صفاتی که وراثت‌پذیری بالایی برای بهبود ژنتیکی سویا دارند انتخاب شوند (Shilpashree *et al*., 2021).

در مطالعات گذشته چهل ژنوتیپ سویا ازنظر صفات زراعی و مورفولوژیکی و پارامترهای ژنتیکی مورد ارزیابی قرار گرفته‌اند. تجزیه واریانس و میانگین عملکرد برای عملکرد و اجزای آن تفاوت معنی‌داری را بین تمامی ژنوتیپ‌ها برای تمام صفات نشان داده است. وزن صد دانه بیشترین تأثیر را بر عملکرد داشته است. ژنوتیپ‌های مختلف سویا بر اساس صفات زراعی–مورفولوژیکی در دو خوشه اصلی قرار گرفته‌اند. صفاتی مانند تعداد کل غلاف‌ها در بوته، روز تا رسیدن و تعداد غلاف پر در بوته بیشترین نقش مثبتی در مؤلفه اول داشته و صفاتی مانند درصد باروری، وزن صد دانه و عملکرد در هکتار نیز بیشترین سهم مثبت در مؤلفه دوم داشته‌اند (Kumar *et al*., 2022).

تنوع ژنتیکی ارقام G. max بسیار کم است زیرا در فرآیند اهلی شدن G. max از G. soja، از تنوع ژنتیکی موجود در G. soja استفاده بهینه نشده است و در کل نیز تنوع موجود در G. soja به‌ندرت مورد بهره‌برداری قرار گرفته است(Hyten *et al*., 2006). ارزیابی اثر تنوع به دلیل وراثت‌پذیری یا عوامل محیطی دشوار است. این را می‌توان با تأثیرات عناصر ارثی و غیرقابل ارث بر تغییرپذیری کل توضیح داد. در نتیجه ناهمگونی، اصلاح‌کننده می‌تواند ژنوتیپ‌های مناسب را از جمعیت‌های متغیری که از طریق نتاج به ارث می‌برند، انتخاب کند(Jani pour *et al*., 2018; Shilpashree *et al*., 2021). از طرفی، تولید سویا، وابسته به توسعه واریته‌های گیاهی است که با استفاده از ژرم‌پلاسم‌های مختلف جهت تکامل با عملکرد برتر زراعی با ویژگی‌های بیوشیمیایی مفید حاصل می‌شود. از طرفی، درک روشن روابط طبقه‌بندی و فیلوژنتیکی بین یک رقم و خویشاوندان وحشی آن، پیش‌نیاز برای بهره‌برداری از خویشاوندان وحشی برای بهبود ژنتیکی ارقام است. در این راستا، تجزیه و تحلیل صفات مورفولوژیکی مختلف برای طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها به‌منظور ارزیابی شباهت و تفاوت ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های سویای گیاهی صورت گرفته و تخمین این صفات، ممکن است در شناسایی ژنوتیپ‌های مناسب و همچنین به اصلاح‌کنندگان در انتخاب والدین متنوع برای اصلاح و اتخاذ روش‌های اصلاحی مؤثر برای بهبود ژنتیکی سویا کمک کند.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق ۲۱ ژنوتیپ سویا از موسسه تحقیقات و اصلاح نهال بذر کرج تهیه شد (جدول ۱). به منظور بررسی خصوصیات ریخت شناسی ژنوتیپ‌های مورد آزمایش در گلخانه بسته در گلدانهای سه لیتری(حاوی ۶۰ درصد خاک، ۳۰ درصد کود پوسیده و ۱۰ درصد ورمی کمپوست)، در قالب طرح آزمایشی به‌صورت کاملاً تصادفی در پنج تکرار در سال ۱۴۰۰ در پژوهشکده علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، مورد بررسی قرار گرفتند.

ژنوتیپ‌های مختلف سویا بر اساس صفات وزن تر و خشک گیاه کامل، وزن تر و وزن خشک برگ، turgor weigh، RWC، طول برگ، عرض برگ، سطح برگ، ارتفاع گیاه، تعداد شاخه‌های جانبی، تعداد گره و فاصله بین گره‌ها مورد ارزیابی قرار گرفتند. از هر ژنوتیپ روی ردیف (تکرار) پنج بونه به طور تصادفی انتخاب گردید و صفات فوق روی آن‌ها اندازه‌گیری شدند. جهت آنالیز داده‌ها از نرم‌افزار Statistix ver10 و رسم نمودارها از نرم‌افزار اکسل استفاده شد. مقایسه میانگین داده‌ها با استفاده از آزمون چند دامنه دانکن در سطح احتمال یک درصد انجام شد.

جدول ۱– نام و مبدأ ارقام مختلف سویا مورد استفاده در این تحقیق

Table 1. Name and origin of different soybean cultivars used in this research

ردیف Row	نام رقم Cultivar Name	مبدأ Origin	ردیف Row	نام رقم Cultivar Name	مبدأ Origin
1	NAHO	استرالیا Australia	12	DM(F3)	استرالیا Australia
2	NOD-139	استرالیا Australia	13	MQ	استرالیا Australia
3	R0SE	استرالیا Australia	14	NOD-49	استرالیا Australia
4	BUNYA	استرالیا Australia	15	L 17	ایران Iran
5	S355-4	آمریکا USA	16	FORREST	استرالیا Australia
6	KATOL	ایران Iran	17	KOSAR	ایران Iran
7	NTS 382	استرالیا Australia	18	P741	ایران Iran
8	NTS 1007	استرالیا Australia	19	RICHMOND	استرالیا Australia
9	NTS 1116	استرالیا Australia	20	SAMAN	ایران Iran
10	ASCOT	استرالیا Australia	21	BRAGG	استرالیا Australia
11	SALAND	ایران			

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]

نتایج و بحث

صفات وزن تر و خشک گیاه کامل، وزن تر و خشک برگ، وزن تورژسانس (turgor weigh)، RWC، طول برگ، عرض برگ، سطح برگ، ارتفاع گیاه، تعداد شاخه‌های جانبی، تعداد گره و فاصله بین گره‌ها در ارقام مختلف سویا سطوح متفاوتی داشته‌اند (P<۰/۰۱) (جدول ۲). بیشترین میزان وزن تر (۴۵۲/۱ گرم) مربوط به ارقام DM(F3) و BUNYA و کم‌ترین مقدار (۱۰۷/۲۲ گرم) مربوط به رقم BRAGG بوده است (شکل ۱). بیشترین میزان وزن خشک (۱۸۱/۶۳ گرم) مربوط به رقم DM(F3) و کمترین مقدار (۳۷/۰۹۲ گرم) مربوط به رقم SAMAN و سپس BRAGG بوده است (شکل ۲). انتظار می‌رود ارقامی که دارای بیشترین وزن تر هستند، بیشترین میزان وزن خشک را نیز دارا باشند(Ammarellou *et al*., 2022; Hassan *et al*., 2022).

جدول ۲- آنالیز واریانس ارقام مختلف سویا بر اساس صفات مورفولوژیکی مورد اندازه‌گیری

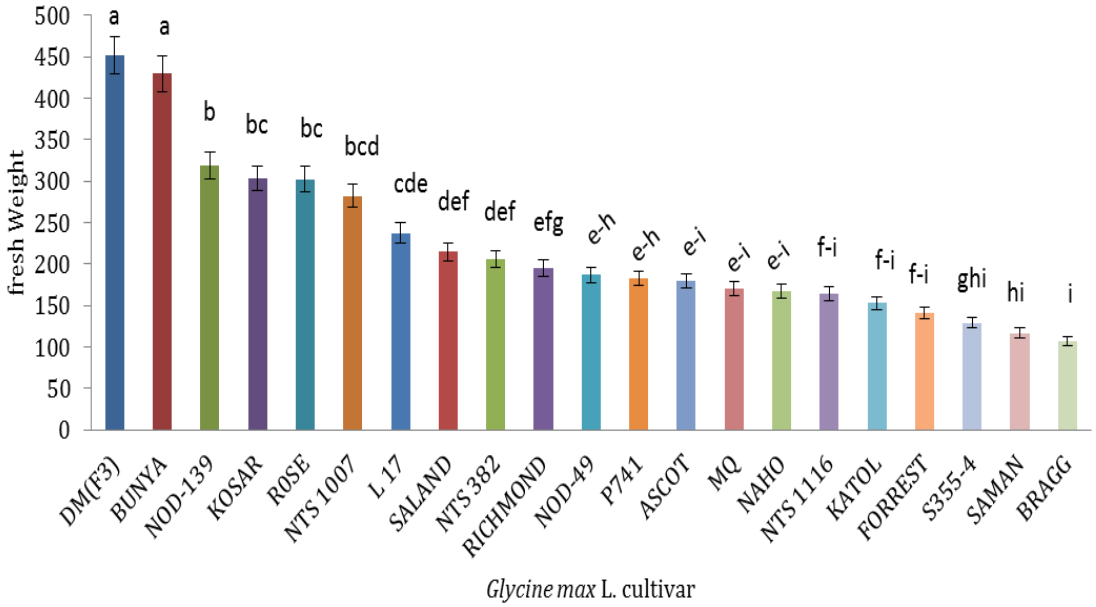
Table 2. Analysis of variance of different soybean cultivars based on the measured morphological traits

منابع تغییر SOV	درجه آزادی df	میانگین مربعات						
		وزن تر Fresh Weight	وزن خشک Dry weight	وزن تر برگ Leaf Fresh Weight	وزن خشک برگ Leaf Dry Weight	turgor weigh	RWC	طول برگ Leaf Lenght
ژنوتیپ‌های سویا Soybean Genotypes	20	12561.7**	29.35**	16.22*	275.69**	1.67**	258.65**	20.95**
خطا Error	84	203.5	0.004	0.29	1.89	0.017	83.16	1.16
کل Totla	104							
CV		12.44	3.49	9.07	5.39	8.92	14.48	9.55

منابع تغییر SOV	درجه آزادی df	میانگین مربعات					
		عرض برگ leaf width	سطح برگ Leaf Area	ارتفاع گیاه Plat Height	تعداد شاخه‌های جانبی Lateral Stem Number	تعداد گره Nod Number	فاصله بین گره‌ها Inter Nod distance
ژنوتیپ‌های سویا Soybean Genotypes	20	8.96**	367.2**	486.6**	12561.7**	171.8**	5.09**
خطا Error	84	0.41	0.47	7.58	50.9	3.56	0.06
کل Totla	104						
CV		14.39	4.93	5.65	6.22	10.06	9.33

** Significant at the one percent level

** معنی‌دار در سطح یک درصد

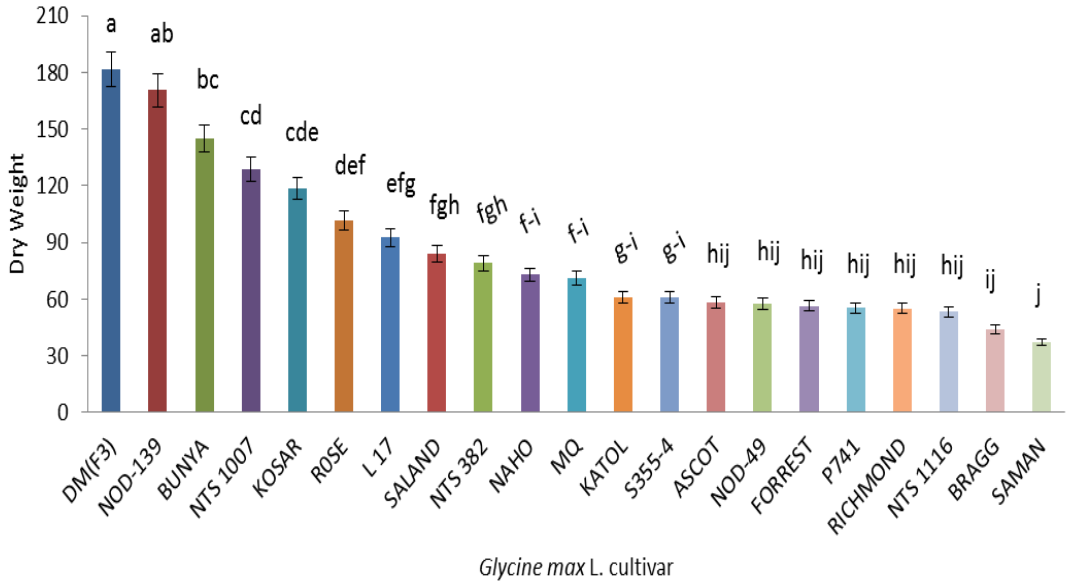


شکل ۱- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت وزن تر گیاه کامل (میلی‌گرم)
حروف غیر مشترک نشان دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است

Figure 1. Evaluation of different soybean cultivars based on whole plant fresh weight trait (mg)
Non-common letters indicate significant differences between different cultivars

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]

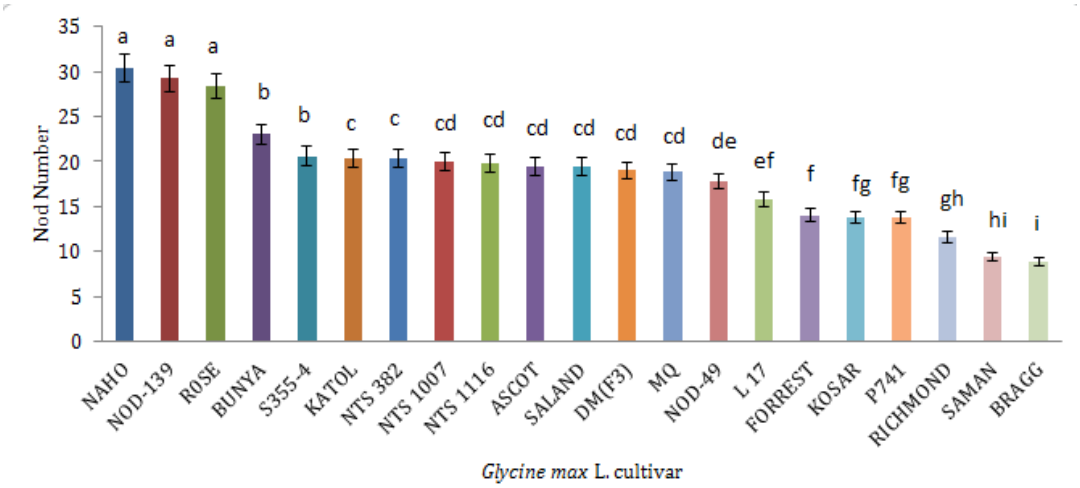


شکل ۲- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت وزن خشک گیاه کامل (میلی‌گرم)
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است

Figure 2. Evaluation of different soybean cultivars based on whole plant dry weight trait (mg).
Non-common letters indicate significant differences between different cultivars

بیشترین تعداد گره مربوط به ارقام NAHO، NOD-139 و ROSE و کمترین مقدار (۸/۸) مربوط به رقم BRAGG بوده است (شکل ۳). بیشترین فاصله بین گره‌ها (۵/۵۲ سانتی‌متر) مربوط به ارقام SAMAN و BRAGG بوده و کمترین فاصله بین گره‌ها (۱/۸۶ سانتی‌متر) مربوط به ارقام NAHO، NOD-139 و ROSE بوده است (شکل ۴). همبستگی بین تعداد گره و فاصله بین گره‌ها بررسی و مشخص‌شده که همبستگی منفی (r=-۰/۶۵۵) بوده است یعنی ارقامی که بیشترین تعداد گره داشته‌اند (ارقام NAHO، NOD-139 و ROSE)، کمترین فاصله بین گره‌ها نیز داشته‌اند.

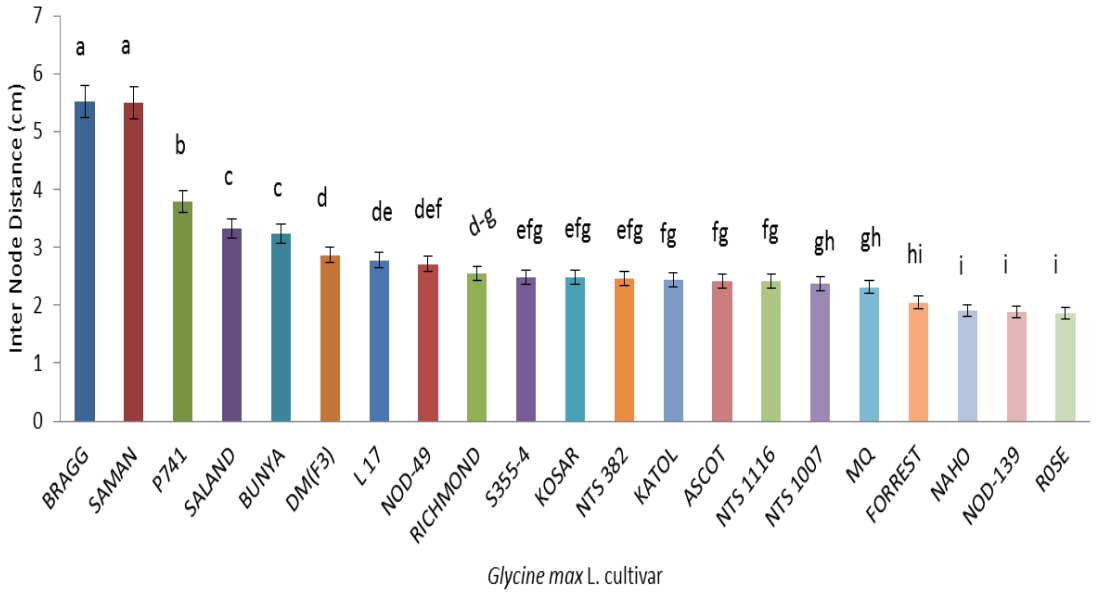
با توجه به اینکه کمترین میزان وزن تر و وزن خشک و همچنین بیشترین فاصله بین گره و یا به‌اصطلاح کمترین تعداد گره مربوط به ارقام SAMAN و BRAGG بوده لذا بر این اساس همبستگی بین وزن خشک و فاصله بین گره‌ها محاسبه و مشخص شده که منفی (r= -۰/۲۶۴۱) بوده است و تأییدی بر نتایج ارائه‌شده است.



شکل ۳- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت تعداد گره.
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است.

Figure 3. Evaluation of different soybean cultivars based on the nodule number trait.
Non-common letters indicate significant differences between different cultivars

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]



شکل ۴- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت فاصله بین گره‌ها(سانتی‌متر).
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است.

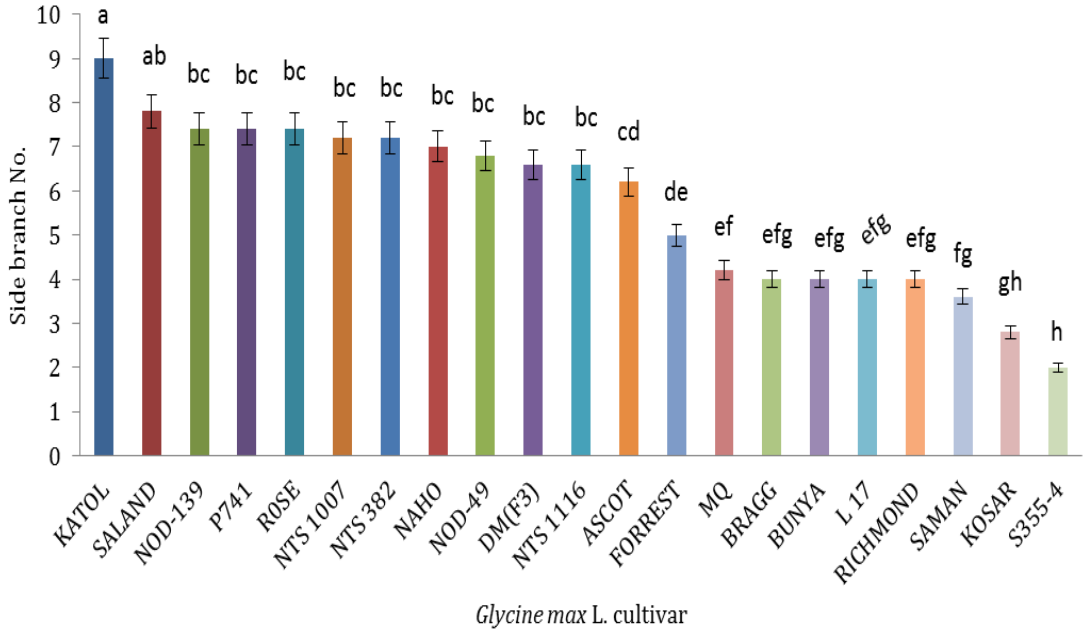
Figure 4. Evaluation of different soybean cultivars based on the trait of distance between nodes (cm). Non-common letters indicate significant differences between different cultivars.

بیشترین تعداد شاخه‌های جانبی (۹). مربوط به رقم KATOL و کمترین فاصله تعداد شاخه جانبی (۲) مربوط به رقم S355-4 بوده است (شکل ۵). با توجه به اینکه شاخه‌های جانبی بر روی گره‌ها رشد می‌کنند لذا در ارقامی که فاصله بین گره‌ها زیاد است انتظار می‌رود که تعداد شاخه‌های کمتری داشته باشند که بر این اساس، همبستگی بین تعداد شاخه جانبی و فاصله بین گره‌ها محاسبه و مشخص شد که همبستگی منفی و معنی‌دار بوده است (r= -۰/۲۸۵۴). ارقامی مانند SAMAN و BRAGG که جزو ارقامی با دارا بودن بیشترین فاصله بین گره بوده‌اند، جزو دسته حاوی کمترین شاخه جانبی نیز بوده‌اند.

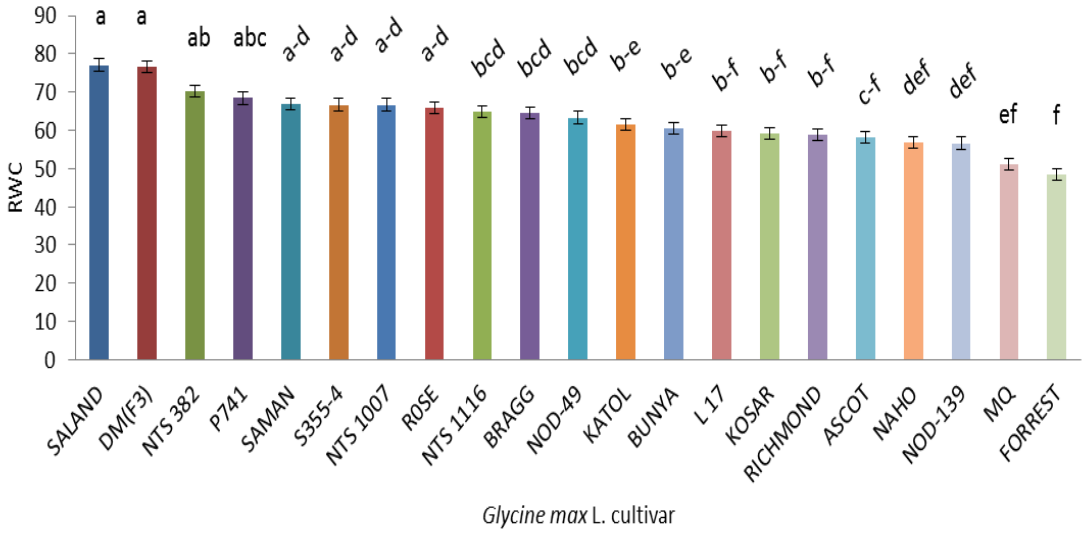
بیشترین مقدار نسبی آب (RWC) (۷۷/۱ درصد) مربوط به ارقام SALAND و DM(F3) و کمترین مقدار نسبی آب (RWC) (۴۸/۴) مربوط به رقم FORREST بوده است (شکل ۶). با توجه به اینکه RWC معیار مناسبی جهت انتخاب ارقام مقاوم به خشکی بوده لذا می‌توان رقم DM(F3) که دارای بیشترین میزان RWC و همچنین بیشترین میزان وزن تر و خشک گیاه کامل بوده را به‌عنوان مقاوم‌ترین رقم در برابر تنش کم‌آبی ذکر کرد.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]



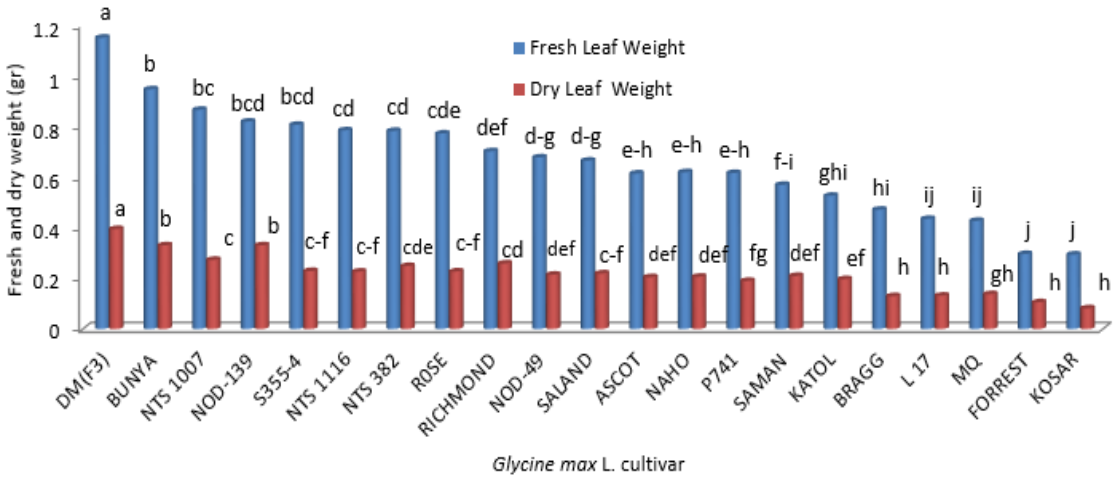
شکل ۵– ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت تعداد شاخه جانبی
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است
Figure 5. Evaluation of different soybean cultivars based on the trait number of lateral branches
Non-common letters indicate significant differences between different cultivars



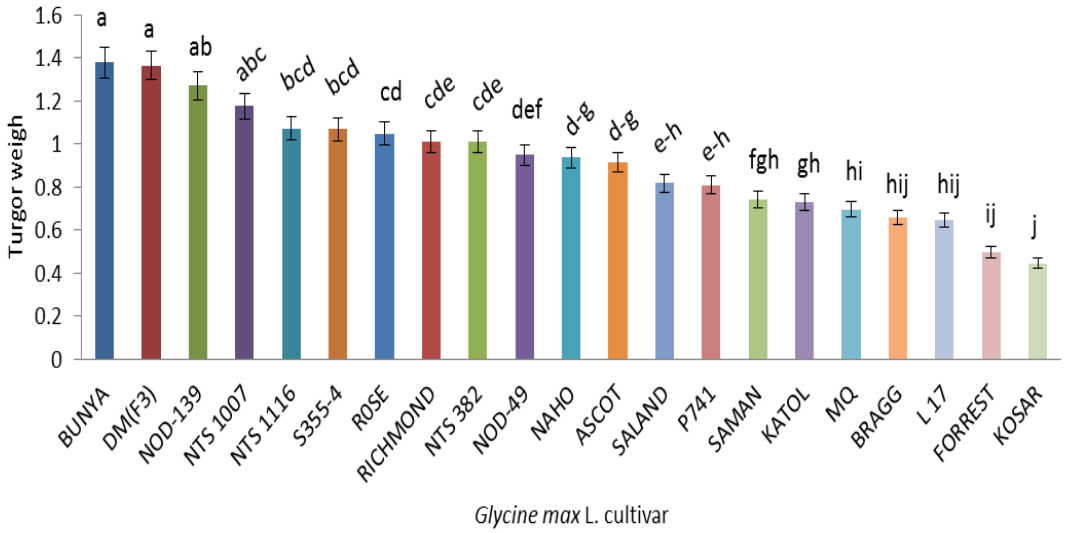
شکل ۶– ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت RWC (درصد)
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است
Figure 6. Evaluation of different soybean cultivars based on the RWC trait (%)
Non-common letters indicate significant differences between different cultivars

بیشترین میزان وزن تر (۱/۱۵ گرم) و وزن خشک (۰/۳۹ گرم) برگ مربوط به رقم DM(F3) و کمترین میزان وزن تر (۰/۲۹ گرم) و وزن خشک (۰/۰۸ گرم) مربوط به رقم KOSAR بوده است (شکل ۷). بیشترین میزان وزن تورژسانس برگ (۱/۳۷۷) مربوط به ارقام BUNYA و DM(F3) و کمترین میزان (۰/۴۴) مربوط به رقم KOSAR بوده است (شکل ۸).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]



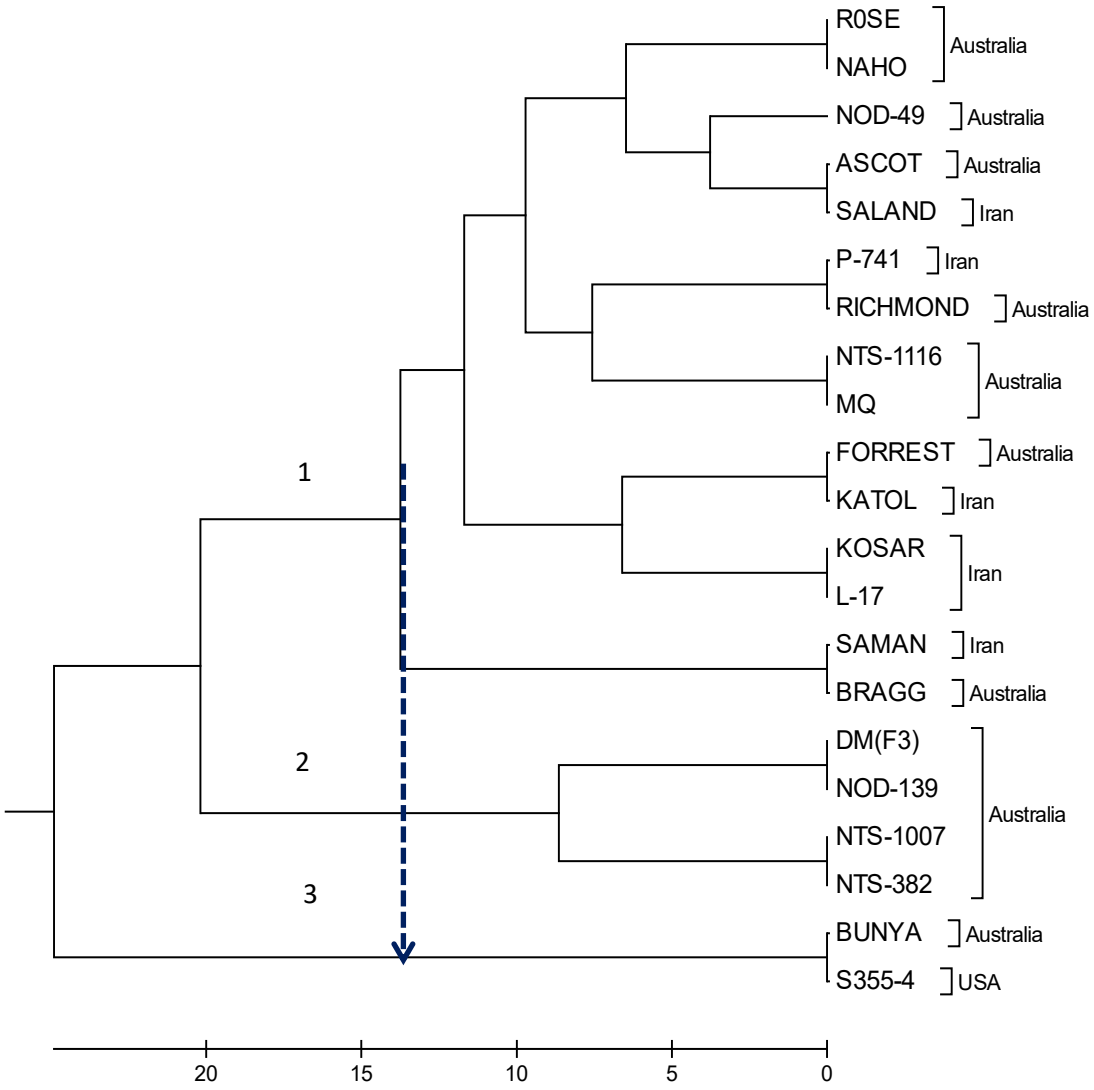
شکل ۷– ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفات وزن تر و خشک برگ(گرم)
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است
Figure 7. Evaluation of different soybean cultivars based on leaf wet weight and dry weight traits (gr)
Non-common letters indicate significant differences between different cultivars



شکل ۸– ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت تورژسانس برگ
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است
Figure 8. Evaluation of different soybean cultivars based on the trait of leaf turgor
Non-common letters indicate significant differences between different figures

تجزیه کلاستر ارقام مختلف سویا با توجه به تمام صفات مورد بررسی، بر اساس ضریب تشابه نی و لی و روش UPGMA و نرم‌افزار Mega5 بررسی و نتایج نشان داد که ارقام، در سه گروه مختلف قرار گرفته‌اند (خط برش بر اساس منشأ جغرافیایی بررسی شد)(شکل ۹). در گروه اول ژنوتیپ‌های NAHO، R0SE، KATOL، NTS 1116، ASCOT، SALAND، MQ، NOD-49، L 17، FORREST، KOSAR، P741، RICHMOND، SAMAN و BRAGG قرار گرفتند. در گروه دوم ژنوتیپ‌های NTS 382، NTS 1007، NOD-139 و DM(F3) قرار گرفتند و در گروه سوم ژنوتیپ‌های BUNYA و S355-4 قرار گرفتند. باآنکه، در برخی خوشه‌ها، ارقامی که صرفاً متعلق به یک کشور بوده، کنار هم قرار گرفته‌اند اما در کل، ارقام بر اساس موقعیت جغرافیایی از همدیگر تفکیک نشده‌اند. ضمناً بیشترین فاصله ژنتیکی (۱۰۹/۵۳) بین ژنوتیپ‌های BUNYA و SAMAN بوده است.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]



شکل ۹- تجزیه کلاستر ارقام مختلف سویا بر اساس ضریب تشابه نی و لی و روش UPGMA

Figure 9. Cluster analysis of different soybean cultivars based on the similarity coefficient of Ni & Li and the UPGMA method

از بین رفتن منابع ژنتیکی و ذخایر توارثی به‌عنوان فرسایش ژنتیکی مطرح است و تحت تأثیر عواملی از جمله استفاده از واریته‌های پر محصول و اصلاح شده به‌جای واریته‌های بومی و تبدیل محیط‌های دست‌نخورده طبیعت به چراگاه‌ها و مزارع به وقوع پیوسته است. این امر باعث افزایش نگرانی‌ها در دهه‌های اخیر شده است (Cheema, 2018) و یکی از دغدغه‌های مهم جوامع گیاهی حفظ تنوع زیستی موجود است (Kumar *et al*., 2022; Vaez-Sarvari *et al*., 2022). ازاین‌رو لازم است که میزان تنوع ژنتیکی گونه‌های موجود مورد بررسی قرار گیرد.کاهش تنوع موجب افزایش آسیب‌پذیری ژنتیکی شده و تهدید جدی برای توده‌های بومی به شمار می‌رود؛ چراکه این تنوع موروفولوژیکی یک پشتوانه ژنتیکی گسترده‌ای را دربر می‌گیرد و توده‌های بومی به دلیل داشتن این تنوع ژنتیکی و ژن‌های مفید، نظیر ژن‌های مقاومت به تنش‌های زنده و غیرزنده از اهمیت ویژه‌ای برخوردارند (Bally & Dillon, 2018).

وجود تنوع ژنتیکی از عوامل مهم بقاء سازگاری موجودات با شرایط محیطی است. تنوع جمعیتی به موجودات زنده کمک می‌کند تا با شرایط محیطی و با تغییرات محیطی مقابله کنند(Kachare *et al*., 2020; Salehian *et al*., 2021). می‌توان گفت ارزیابی و بررسی تنوع ژنتیکی بر اساس فنوتیپ یا صفات قابل‌اندازه‌گیری، به میزان زیادی متأثر از عوامل محیطی است. به عبارتی این عوامل محیطی هستند که بر بروز صفات موروفولوژیکی تأثیر می‌گذارند(Sadeqi *et al*., 2019).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]

دانش کافی از ساختار ژرم‌پلاسم‌ها، به‌ویژه زمانی که صفات چند ژنی درگیر هستند، برای توسعه هیبریدهایی با سازگاری اکولوژیکی خاص، انتخاب حیاتی والدین را در برنامه‌های اصلاحی ارزشمند می‌سازد. شناسایی صفات مؤثر در تنوع، بین ژنوتیپ‌های مختلف با هدف گروه‌بندی و شناسایی بالقوه والدین در برنامه‌های اصلاحی برای تولید هیبریدها است (Aremu *et al*., 2007).

بسیاری از فرآیندهای مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی مهم مانند توسعه‌ی برگ، باز شدن روزنه‌ها و فتوسنتز برگ به‌طور مستقیم به‌وسیله‌ی کاهش تورژسانس برگ با تنش شوری و از دست دادن آب از بافت‌های برگ تحت تأثیر قرار می‌گیرد. ضمناً کاهش جذب آب، پاسخ رایج گیاهان تحت تنش شوری و خشکی است. از طرف دیگر، شوری، انتقال الکترونی و فتوفسفریلاسیون در غشاء تیلاکوئیدی را غیرفعال می‌کند و تحت این شرایط، تجمع بالای یون‌های سمی مثل سدیم و کلر در کلروپلاست‌ها رخ می‌دهد. ضمناً پتاسیم به‌عنوان فراوان‌ترین کاتیون در بافت‌های گیاهی، نقش مهمی در فشار اسمزی و فشار تورژسانس ایفا می‌کند (Pourakbar & Maghsomi, 2016)؛ بنابراین گیاهانی که تورژسانس برگ بالایی دارند توانایی مقابله با شرایط نامساعد محیطی داشته و دچار کاهش رشد کمتری خواهند شد لذا بر اساس نتایج حاصل از این تحقیق، رقم DM(F3) مناسب‌ترین رقم در این زمینه است.

سویا به‌عنوان یک محصول علوفه‌ای، چندین مزیت دارد (Asekova *et al*., 2016)، مانند الف) دارای کیفیت علوفه بالاتر با حدود ۲۰ درصد پروتئین برداشت شده در مرحله پر شدن بذر، ب) می‌توان آن را در هر زمان بین مراحل رشد R3 تا R7 بدون افت کیفیت و عملکرد برداشت کرد، ج) می‌تواند جایگزینی برای سایر محصولات علوفه‌ای باشد و د) می‌تواند به‌طور مؤثر به‌عنوان یک محصول پوششی مورد استفاده قرار گیرد و درنتیجه به کاهش فرسایش خاک کمک کند. از آنجائی که وزن تر، از جمله وزن تر برگ‌ها و شاخه‌ها، پارامتری است که برای تخمین عملکرد زیست‌توده کل گیاه استفاده می‌شود و مستقیماً بر رشد مورفولوژیکی، کیفیت و کمیت علوفه تأثیر می‌گذارد (Asekova *et al*., 2016). لذا گیاهانی وزن تر و وزن خشک بالای دارند مؤثرترین ارقام ازلحاظ استفاده به‌عنوان علوفه هستند که بر اساس نتایج تحقیق حاضر، ارقام DM(F3) و سپس رقم BUNYA، مؤثرترین ارقام ازلحاظ میزان وزن تر و خشک بوده‌اند.

در آزمایشی (Malek *et al*., 2014) شش رقم سویا (گرگان ۳، سحر، ساری، هیل، دی پی ایکس و تلار) و دو لاین (۰۳۲، ۰۳۳) در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار مورد بررسی قرار گرفته‌اند. روند تغییرات شاخص سطح برگ، ماده خشک، سرعت رشد محصول نسبت به زمان نشان داده ارقام مورد بررسی از این نظر از الگوی یکسانی تبعیت می‌کنند. نتایج حاصل از تجزیه صفات اندازه‌گیری شده مربوط به ماده خشک تجمعی، شاخص سطح برگ و سرعت رشد محصول در مراحل گلدهی و شروع دانه‌بندی مشخص کرده که بین ارقام اختلاف معنی‌داری وجود داشته است؛ اما ضرایب همبستگی ارتباط معنی‌داری بین آنها و عملکرد نشان نداده است. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه داده‌ها، افزایش عملکرد در ارقام پر محصول، ناشی از شاخص برداشت بالاتر بوده که از طریق تولید تعداد غلاف و دانه بیشتر از عملکرد بالاتری برخوردار بوده‌اند. بر اساس نتایج به‌دست‌آمده، گزارش داده‌اند که طولانی شدن دوره رویشی با به تعویق انداختن زمان گلدهی گیاه را بیشتر در معرض دماهای بالای قرار داده به‌طوری‌که این ارقام با داشتن تعداد کمتر غلاف و دانه از عملکرد پائین‌تری داشتند. در کل، عملکرد در اکثر محصولات نتیجه ترکیب تعداد زیادی از فرایندهای فیزیولوژیکی است که در طی رشد و نمو به وقوع می‌پیوندد. این فرایندها در سطوح مورفولوژیکی، فنولوژیکی و فیزیولوژیکی تجلی یافته و اغلب توسط ژن‌های زیادی کنترل می‌شوند. در تحقیق حاضر با توجه به اینکه رقم DM(F3) و سپس BUNYA دارای بیشترین زیست‌توده (وزن تر و وزن خشک)، محتوای شاخص نسبی آب (RWC) و شاخص تورژسانس بوده لذا می‌تواند به‌عنوان منابع اصلی لاین‌های اصلاحی برای بهبود ژنتیکی سویای گیاهی استفاده شود.

در بین حبوبات P. savitum تحت تأثیر شوری بیشتری قرار می‌گیرد درصورتی‌که G. max گونه مقاوم‌ترین به نمک است(Delgado *et al*., 1994). گیاهانی که زیست‌توده(وزن تر و خشک گیاه کامل) بالاتری دارند قدرت و تحمل بیشتری در برابر شوری و کاهش وزن داشته (Abideen *et al*., 2022) لذا بر اساس نتایج تحقیق حاضر، ارقام DM(F3) و سپس رقم BUNYA، که دارای بیشترین وزن تر و وزن خشک بوده‌اند، احتمالاً متحمل‌ترین ارقام نسبت به شرایط شوری خواهند بود.

محتوای نسبی آب گیاه، یکی از صفات مهمی است که رابطه مستقیم با محتوای آب خاک دارد و نشان‌دهنده وضعیت آبی خاک بوده و یکی از چندین روش اندازه‌گیری وضعیت آبی بافت است که رابطه نزدیکی با پتانسیل آبی برگ دارد و به‌عنوان شاخصی مهم در تنش خشکی در برگ‌ها گزارش شده است که می‌تواند توانایی گیاه را برای در امان بودن از شدت تنش تحت تأثیر قرار دهد و در نتیجه بر عملکرد و پایداری آن مؤثر باشد(heidari, 2015). با توجه به نقش تنش شوری در تنظیم اسمزی، غلظت‌های پایین تنش شوری می‌تواند از طریق تأثیر بر مورفولوژی روزنه و بهبود روابط آب منجر به افزایش ظرفیت حفظ آب گیاهان گردد. از طرفی هر چقدر گیاهانی توانایی حفظ RWC رد سلول‌های برگی خود داشته باشند، در نهایت موجب افزایش ظرفیت حفظ آب در طول دوره رشد شده، که تأثیر مثبت آن در سازگار سازی گیاهان در شرایط حاد محیطی خواهد بود (Maleki Asayesh *et al*., 2021). در نتیجه، گیاهانی که محتوای نسبی آب بیشتری دارند، دارای توانایی و تحمل مقابله با تنش‌های محیطی بیشتر بوده لذا بر اساس نتایج تحقیق حاضر، ارقام SALAND و DM(F3) که دارای بیشترین محتوای نسبی آب بوده‌اند، احتمالاً متحمل‌تربن ارقام نسبت به شرایط محیطی خواهند بود.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]

نتایج گروه‌بندی بر اساس تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در سه گروه قرار داد. وجود تفاوت مورفوفیزیولوژیکی بین این سه گروه ممکن است قدرت رقابتی آنها را تحت تأثیر قرار دهد و در واکنش به روش‌های مدیریت شیمیایی و زراعی مؤثر باشد. هنگامی که یک علف‌کش در تماس با گیاهی قرار می‌گیرد عمل آن تحت تأثیر صفات مورفولوژی و ساختار گیاه و همچنین فرایندهای بی‌شمار فیزیولوژیک و بیوشیمیایی خواهد بود که درون گیاه رخ می‌دهد. تنوع مورفولوژیکی ژنوتیپ‌های سویا می‌تواند قدرت سازگاری آن‌ها را با شرایط محیطی و روش‌های مختلف مدیریت علف‌های هرز توجیه کند(Majd *et al*., 2020).

مطالعه تنوع ژنتیکی برای دستیابی به اهداف؛ مطالعات بنیادی در ارزیابی محصولات، برنامه‌ریزی برای نگهداری و معاوضه ژرم‌پلاسم، انتخاب روش مناسب اصلاحی، انتخاب مناسب خویشاوندان به‌منظور تلاقی، ساخت جوامع پایه و دستیابی به نتایج عملکرد بالا توصیه شده است. به مجموعه مواد وراثتی هر گیاه از جمله توده‌های بومی و خویشاوندان وحشی آنها ژرم‌پلاسم می‌گویند که ماده اصلی برای یک برنامه اصلاحی است. اکوتیپ‌ها، بیوتیپ‌ها و شیموتیپ‌ها نیز به‌عنوان منابع ژرم‌پلاسم جدید مطرح هستند. اکوتیپ‌ها دارای صفات موفولوژیک، آناتومی و فیزیولوژیکی متفاوتی هستند. بیوتیپ‌ها به گونه‌هایی اطلاق شده که دارای ساختار ژنتیکی متفاوتی باشند. همچنین مطالعات نشان داده‌اند که تنوع کروموزومی روی کمیت متابولیت‌های ثانویه مؤثر است. شیموتیپ‌ها، جوامع درون یک گونه هستند که کم‌وبیش از لحاظ فنوتیپی مشابه ولی از لحاظ ژنتیکی و ترکیبات شیمیایی متفاوت هستند(Jahantigh-Haghighi, Fahmideh, & Fazeli-Nasab, 2020; Jomeh Ghasem Abadi *et al*., 2019; Sadeqi *et al*., 2019; Yousefi *et al*., 2018).

هدف حفاظت از ژرم‌پلاسم، اطمینان از در دسترس بودن یک ژرم‌پلاسم مفید در زمان موردنیاز می‌باشد که در میان واریته‌های بومی قدیمی سازگار و خویشاوندان وحشی به‌عنوان منابع ژرم‌پلاسم، تکیه‌گاه اصلی برنامه‌های اصلاحی می‌باشند. به‌علاوه ادامه روند جستجوی واریته‌های زراعی پر محصول و مقاوم به آفات و عوامل بیماری‌زا، به فراهم بودن یک مجموعه ژرم‌پلاسم بزرگ نیاز است. مدیریت تنوع طبیعی موجود در ارقام اهلی و خویشاوندان وحشی یک گونه گیاهی در انجام یک برنامه مؤثر به‌منظور اصلاح گیاه زراعی بسیار مهم است. استفاده از تنوع طبیعی به دلایلی دارای اهمیت است از جمله اینکه یکنواختی ژنتیکی در گیاهان زراعی نامطلوب می‌باشد چرا که در این حالت آسیب‌پذیری نسبت به عوامل زنده و غیرزنده بیشتر می‌شود و از طرفی بسیاری از خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی حاوی ژن‌هایی می‌باشند که باعث ایجاد مقاومت به تنش‌های غیرزنده مانند خشکی، شوری و سرما می‌شوند که می‌توان این ژن‌ها را به واریته‌های تجاری منتقل نمود و از کاهش عملکرد جلوگیری کرد(Vivodík *et al*., 2018; Yousef *et al*., 2018; Yousefi *et al*., 2018).

امروزه ذخایر توارثی مهم‌ترین و با ارزش‌ترین ذخایر طبیعی محسوب می‌شوند که ارزش آنها با ذخایر و منابع طبیعی قابل‌مقایسه نمی‌باشد. به نژادگران با در دست داشتن اطلاعاتی راجع به محل جغرافیایی، حوزه پراکنش و میزان تنوع با اطمینان بیشتری می‌توانند به اصلاح گیاهان زراعی و معرفی گیاهان مطلوب اقدام نمایند. موفقیت آینده اصلاح گران به حفظ ذخایر ژنتیکی امروز بستگی دارد و از طرفی وجود عوامل فرساینده ژنتیکی، ضرورت سرمایه‌گذاری برای ایجاد کلکسیون‌های گیاهی و بانک‌های ژن به‌منظور حفظ و نگهداری ذخایر توارثی گیاهی را اجتناب‌ناپذیر کرده است. مزیت اصلی این کلکسیون‌ها، افزایش طول عمر بذر با نگهداری در دما و رطوبت پایین می‌باشد(Jahantigh-Haghighi, fahmideh, & Fazeli-Nnasab, 2020; Kachare *et al*., 2020; Kumar *et al*., 2022; Vaez-Sarvari *et al*., 2022).

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به اینکه رقم DM(F3) و سپس BUNYA دارای بیشترین زیست‌توده (وزن تر و وزن خشک)، محتوای شاخص نسبی آب (RWC) و شاخص تورژسانس بوده لذا می‌تواند به‌عنوان منابع اصلی لاین‌های اصلاحی برای بهبود ژنتیکی سویای گیاهی استفاده شود. ضمنا چون بیشترین فاصله ژنتیکی (۱۰۹/۵۳) بین ژنوتیپ‌های BUNYA و SAMAN بوده است لذا در کل میتوان نتیجه گرفت که جهت تولید لاین‌های خالص و همچنین تولید هیبرید از ژنوتیپ‌های DM(F3) و SAMAN استفاده کرد.

منابع

Abideen, Z., Koyro, H. W., Hussain, T., Rasheed, A., Alwahibi, M. S., Elshikh, M. S., Hussain, M. I., Zulfiqar, F., Mansoor, S., & Abbas, Z. (2022). Biomass Production and Predicted Ethanol Yield Are Linked with Optimum Photosynthesis in *Phragmites karka* under Salinity and Drought Conditions. Plants, 11(13), 1657.

Ahmand, Z., Fahmideh, L., & Fazeli-Nasab, B. (2017). Genetic Evaluation of *Cumin* and *Caraway* Using *Eryngium planum* Microsatellite Markers. Scientific Journal Management System, 8(2), 59-71.

Ammarellou, A., Yousefi, A. R., Heydari, M., Uberti, D., & Mastinu, A. (2022). Biochemical and Botanical Aspects of *Allium sativum* L. Sowing. BioTech (Basel), 11(2).

Aremu, C., Adebayo, M., Ariyo, O., & Adewale, B. (2007). Classification of genetic diversity and choice of parents for hybridization in cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp for humid savanna ecology. African Journal of Biotechnology, 6(20), 2333-2339.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]

Asekova, S., Kulkarni, K. P., Patil, G., Kim, M., Song, J. T., Nguyen, H. T., Grover Shannon, J., & Lee, J.-D. (2016). Genetic analysis of shoot fresh weight in a cross of wild (*G. soja*) and cultivated (*G. max*) soybean. Molecular breeding, 36(7), 1-15.

Bally, I. S., & Dillon, N. L. (2018). *Mango (Mangifera indica L.) Breeding. In: Al-Khayri J., Jain S., Johnson D. (eds) Advances in Plant Breeding Strategies: Fruits*. Springer, Cham.

Cheema, A. K. (2018). Plant Breeding its Applications and Future Prospects. International Journal of Engineering Technology Science and Research, 5(3), 88-94.

Chung, G., & Singh, R. J. (2008). Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. Critical reviews in plant sciences, 27(5), 295-341.

Delgado, M., Ligero, F., & Lluch, C. (1994). Effects of salt stress on growth and nitrogen fixation by pea, faba-bean, common bean and soybean plants. Soil Biology and Biochemistry, 26(3), 371-376.

Hassan, A., Parveen, A., Hussain, S., Hussain, I., & Rasheed, R. (2022). Investigating the role of different maize (*Zea mays* L.) cultivars by studying morpho-physiological attributes in chromium-stressed environment. Environ Sci Pollut Res Int, 29(48), 72886-72897.

Heidari, n. (2015). Effects of drought stress on photosynthesis, its parameters and relative water content of anise (*Pimpinella anisum* L.). Journal of Plant Research (Iranian Journal Of Biology), 27(5), 829-839.

Hyten, D. L., Song, Q., Zhu, Y., Choi, I.-Y., Nelson, R. L., Costa, J. M., Specht, J. E., Shoemaker, R. C., & Cregan, P. B. (2006). Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. Proceedings of the National Academy of Sciences, 103(45), 16666-16671.

Jahantigh-Haghighi, Z., Fahmideh, L., & Fazeli-Nasab, B. (2020). Genetic diversity in plant medicinal of Tomato Genotypes using RAPD and ISSR markers. Agricultural Biotechnology, 10(2), 29-41.

Jahantigh-Haghighi, Z., fahmideh, l., & Fazeli-Nnasab, B. (2020). Evaluation of Genetic Diversity in Different Cultivars of Tomato Using RAPD and ISSR Markers. Scientific Journal Management System, -.

Jani pour, L., Fahmideh, l., & Fazeli-Nasab, B. (2018). Genetic assessment of some populations of the medicinal plant Caraway (*Carum carvi*) using RAPD and ISSR markers. Journal of Iranian Plant Ecophysiological Research, 12(48), 78-91.

Janipour, l., Fahmideh, l., & Fazeli-Nasab, B. (2018). Genetic evaluation of different population of Cumin (*Cuminum cyminum* L.) using DNA molecular markers. Journal of Cellular and Molecular Researches, 31(1), 16-32.

Jomeh Ghasem Abadi, Z., Fakheri, B., & Fazeli-nasab, B. (2019). Study of the Molecular Diversity of Internal Transcribed Spacer Region (ITS1.4) in Some Lettuce Genotypes [Research]. Journal of Crop Breeding, 11(29), 29-39.

Kachare, S., Tiwari, S., Tripathi, N., & Thakur, V. V. (2020). Assessment of genetic diversity of soybean (*Glycine max*) genotypes using qualitative traits and microsatellite markers. Agricultural research, 9(1), 23-34.

Kumar, S., Susmita, C., Sripathy, K., Agarwal, D. K., Pal, G., Singh, A. N., Kumar, S., Rai, A. K., & Simal-Gandara, J. (2022). Molecular characterization and genetic diversity studies of Indian soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) cultivars using SSR markers. Molecular Biology Reports, 49(3), 2129-2140.

Kumawat, G., Singh, G., Gireesh, C., Shivakumar, M., Arya, M., Agarwal, D. K., & Husain, S. M. (2015). Molecular characterization and genetic diversity analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) germplasm accessions in India. Physiology and Molecular Biology of Plants, 21(1), 101-107.

Liu, Y., Sun, M., Chen, Q., Xin, D., & Sun, X. (2021). Mapping quantitative trait loci related to nodule number in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) in response to the Sinorhizobium (Ensifer) fredii HH103 NopT type III effector. Journal of Plant Interactions, 16(1), 126-135.

Majd, R., Khatami, S. A., khakzad, r., Alebrahim, M. T., & Mohebodini, M. (2020). Evaluating of genetic diversity of Datura (*Daturea stramonium* L.) genotypes on the basis of morphological characters. Journal of Crop Production, 13(2), 51-68.

Majidian, p., masoudi, b., sadegh garmaroudi, h., & dalili, s. a. (2022). Evaluation of Genetic Phenological and Morphological in Different Soybean Cultivars in Alborz Province [Research]. Journal of Crop Breeding, 14(43), 180-192.

Malek, M. M., Galeshi, S., Zeinali, A., Ajamnorozi, H., & Malek, M. (2014). Investigation of leaf area index, dry matter and crop growth rate on the yield and yield components of soybean cultivars. Journal of Crop Production, 5(4), 1-18.

Maleki Asayesh, Z., Vahdati, K., & Aliniaeifard, S. (2021). Moderate salinity stress and its effect on water conservation capacity of in vitro plants of Persian walnut during desiccation. Journal of Plant Production Research, 28(2), 85-99.

Pourakbar, L., & Maghsomi, S. (2016). The response of wheat (*Triticum aestivum* L.) to the consumption of zinc under salt stress. Applied Field Crops Research, 29(1), 19-28.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]

Sadeqi, M. B., Dadshani, S., Yousefi, M., & Ajir, G. M. (2019). Investigation of Genetic Diversity in Afghan Bread Wheat Genotypes Using SSR and AFLP Markers. Turkish Journal of Agriculture Food Science and Technology, 7(9), 1263-1267.

Salehian, M., Darvishzadeh, R., & Rezazad Bari, M. (2021). Assessment of genetic diversity and association analysis for agro-morphological traits in pepper (*Capsicum* spp.) using ISSR markers. Journal of Plant Research (Iranian Journal Of Biology), 34(1), 126-138. (In Persian).

Shilpashree, N., Devi, S. N., Manjunathagowda, D. C., Muddappa, A., Abdelmohsen, S. A., Tamam, N., Elansary, H. O., El-Abedin, T. K. Z., Abdelbacki, A. M., & Janhavi, V. (2021). Morphological characterization, variability and diversity among vegetable soybean (*Glycine max* L.) genotypes. Plants, 10(4), 671.

Singh, R. J. (2019). Cytogenetics and genetic introgression from wild relatives in soybean. The Nucleus, 62(1), 3-14.

Tabatabaee, M., Haddadi, F., Kamalaldini, H., & Fazeli-Nasab, B. (2018). Evaluation of the Ability of Retrotransposon Markers to Study the Genetic Diversity in some Populations of Radish (*Raphanus Sativus*) [Research]. Journal of Crop Breeding, 10(28), 27-37. (In Persian).

Vaez-Sarvari, H., Emamjomeh, A., & Fazeli-Nasab, B. (2022). Evaluation of genetic diversity of *Cantaloupe* landraces based on the internal transcriptional spacer regions (ITS1, 4). International Journal of Vegetable Science, 1-13.

Vivodík, M., Saadaoui, E., Balážová, Ž., Gálová, Z., & Petrovičová, L. (2018). Genetic diversity and population structure in tunisian castor genotypes (*Ricinus communis* L.) Detected using scot markers. Potravinarstvo Slovak Journal of Food Sciences, 12(1), 143-149.

Yang, X., Alidoust, D., & Wang, C. (2020). Effects of iron oxide nanoparticles on the mineral composition and growth of soybean (*Glycine max* L.) plants. Acta Physiologiae Plantarum, 42(8), 128.

Yousef, E. A., Mueller, T., Börner, A., & Schmid, K. J. (2018). Comparative analysis of genetic diversity and differentiation of cauliflower (*Brassica oleracea* var. botrytis) accessions from two ex situ genebanks. PloS one, 13(2), e0192062.

Yousefi, S., Saeidi, H., & Assadi, M. (2018). Genetic Diversity Analysis of Red Clover (*Trifolium pratense* L.) in Iran Using Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP) Markers. Journal of Agricultural Science and Technology, 20(2), 373-386.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-30]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.206]