

"Research Paper"

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

Fereydon Bameri¹, Masoud Ahmadi-Afzadi², Mehdi Rahimi³ and Saeid Mirzaei⁴

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 ($n_2=40 \times 2$) 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



"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 مسئول: 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 ($2n=2x=40$) 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 به عنوان غذای اصلی خود مصرف می‌کنند. ایالات متحده 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 نه تنها از نظر ارزش زراعی بلکه برای عدم تمایز ژنتیکی نیز باید در نظر گرفته شود. تولید ارقام جدید و بهبود یافته را می‌توان با منابع جدید تنوع ژنتیکی افزایش داد؛ بنابراین معیارهای انتخاب سهم والدین نه تنها از نظر ارزش زراعی بلکه برای عدم تمایز ژنتیکی نیز باید در نظر گرفته شود؛ بنابراین، درک تنوع ژنتیکی ژرمپلاس 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 تورژانس، RWC، طول و عرض برگ، سطح برگ، ارتفاع گیاه، تعداد شاخه‌های جانبی، تعداد گره و فاصله بین گره‌ها، در قالب طرح آزمایشی به صورت 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 ($452/1$ گرم) مربوط به ارقام DM(F3) و BUNYA و بیشترین تعداد گره ($30/4$) مربوط به ارقام NOD-139، NAHO و ROSE بود. کمترین میزان وزن تر ($107/22$ گرم) مربوط به رقم BRAGG و کمترین تعداد گره ($8/8$) 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) ($77/1$) مربوط به ارقام SALAND و DM(F3) و کمترین مقدار نسبی آب (RWC) ($48/4$) 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 تورژانس بوده لذا می‌تواند به عنوان 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

موفقیت آمیزی 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 نه تنها از نظر ارزش زراعی بلکه برای عدم تمایز ژنتیکی نیز باید در نظر گرفته شود؛ بنابراین، درک تنوع ژنتیکی ژرمپلاس 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 به طور معمول بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی، نشانگرهای بیوشیمیایی و با استفاده از تکنیک‌های مختلف نشانگر مولکولی انجام می‌شود

سویای زراعی، سویای وحشی و ۲۳ گونه گلاسیین چندساله، گیاهانی دیپلوئید ($2n=2x=40$) هستند. توده‌های *G. hirticaulis* و *G. tabacina* دارای اعداد کروموزومی دیپلوئید ($2n=2x=40$) و تتراپلوئید ($2n=4x=80$) هستند. در مقابل، *G. tomentella* شامل توده‌هایی با چهار سیتوتیپ ($2n=2x=40$ ، $2n=3x=60$ ، $2n=4x=80$) است. تبادل ژن‌های مفید بین این گونه‌های گلاسیین چندساله وحشی و سویا به دلیل موانع مختلف محدود شده است ولی با اینحال دو رگ‌گیری با کمک نجات بذر نابالغ و دست‌کاری‌های سیتوژنتیکی امکان‌پذیر می‌باشد (Liu et al., 2021; Singh, 2019). زیر جنس گلاسیین شامل ۲۶ گونه است؛ که اکثر آن‌ها وحشی، چندساله و بومی استرالیا و اطراف آن هستند. گونه‌های گلاسیین 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

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 ریخت‌شناسی 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*، *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 به‌طور 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.

(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 از نظر 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

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	ROSE	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			

نتایج و بحث

است (شکل ۱). بیشترین میزان وزن خشک ($181/63$ گرم) مربوط به رقم DM(F3) و کمترین مقدار ($37/092$ 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).

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 ($P < 0/01$) (جدول ۲). بیشترین میزان وزن تر ($452/1$ گرم) مربوط به ارقام DM(F3) و BUNYA و کم‌ترین مقدار ($107/22$ گرم) مربوط به رقم BRAGG بوده

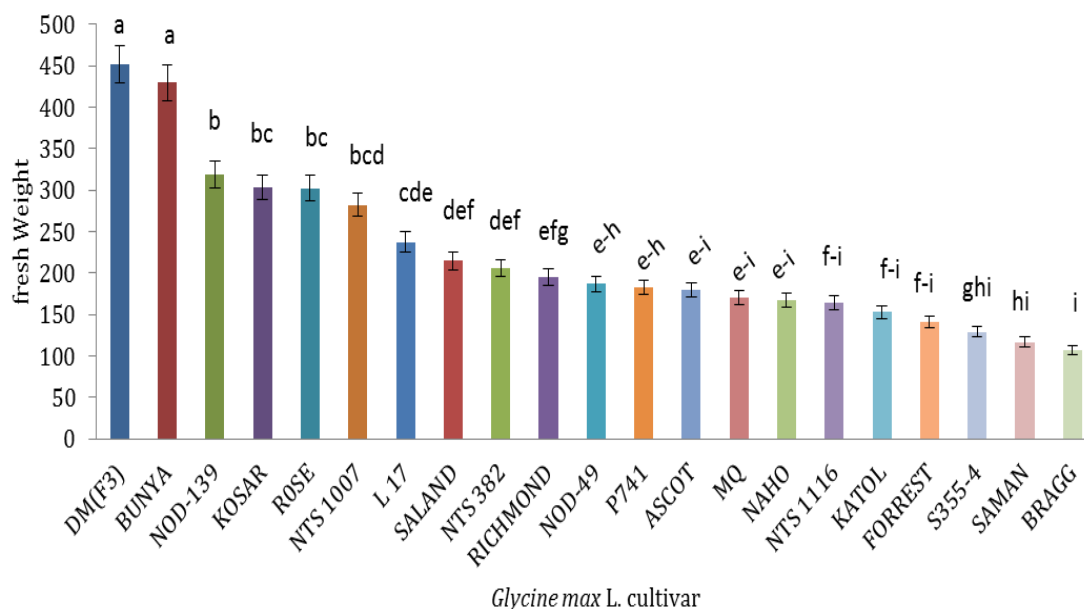
جدول ۲- آنالیز واریانس ارقام مختلف سویا بر اساس صفات مورفولوژیکی مورد اندازه‌گیری

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

میانگین مربعات							درجه آزادی df	منابع تغییر SOV
طول برگ Leaf Lenght	RWC	turgor weigh	وزن خشک برگ Leaf Dry Weight	وزن تر برگ Leaf Fresh Weight	وزن خشک Dry weight	وزن تر Fresh Weight		
20.95**	258.65**	1.67**	275.69**	16.22*	29.35**	12561.7**	20	ژنوتیپ‌های سویا Soybean Genotypes
1.16	83.16	0.017	1.89	0.29	0.004	203.5	84	خطا Error
9.55	14.48	8.92	5.39	9.07	3.49	12.44	104	کل Total
CV								
میانگین مربعات							درجه آزادی df	منابع تغییر SOV
فاصله بین گره‌ها Inter Nod distance	تعداد گره Nod Number	تعداد شاخه‌های جانبی Lateral Stem Number	ارتفاع گیاه Plat Height	سطح برگ Leaf Area	عرض برگ leaf width			
5.09**	171.8**	12561.7**	486.6**	367.2**	8.96**		20	ژنوتیپ‌های سویا Soybean Genotypes
0.06	3.56	50.9	7.58	0.47	0.41		84	خطا Error
9.33	10.06	6.22	5.65	4.93	14.39		104	کل Total
CV								

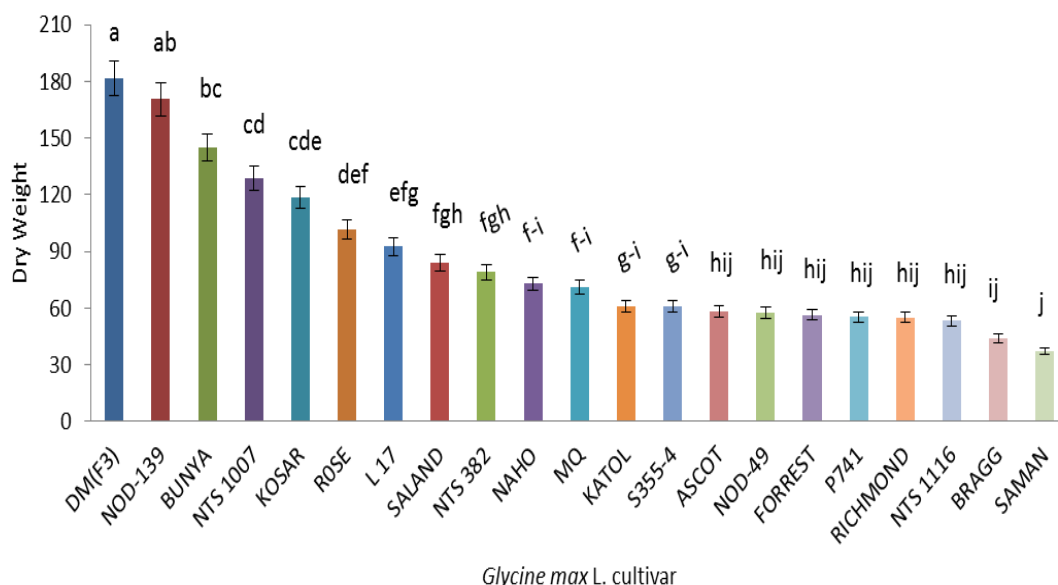
** Significant at the one percent level

** 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

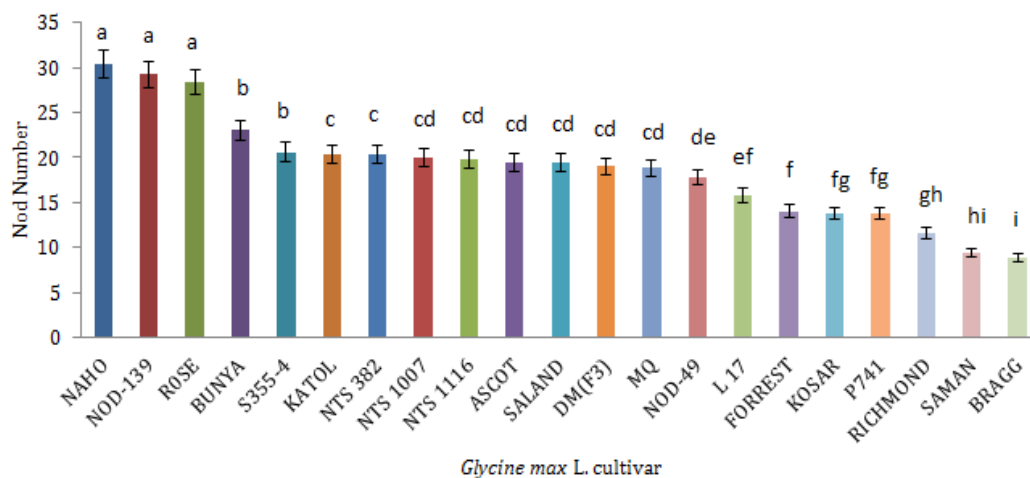
Figure 1. Evaluation of different soybean cultivars based on whole plant fresh weight trait (mg) Non-common letters indicate significant differences between different cultivars



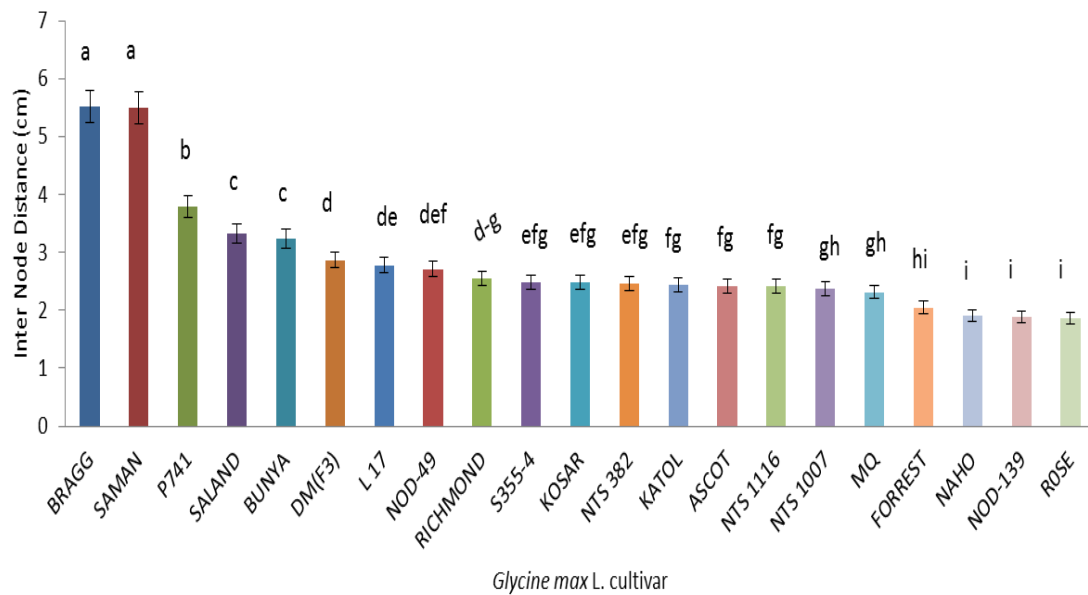
شکل ۲- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت وزن خشک گیاه کامل (میلی گرم)
 حروف غیر مشترک نشان دهنده وجود اختلاف معنی دار بین ارقام مختلف است
 Figure 2. Evaluation of different soybean cultivars based on whole plant dry weight trait (mg).
 Non-common letters indicate significant differences between different cultivars

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 به اصطلاح 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 ($r = -0.7641$) بوده است و تأییدی بر نتایج ارائه شده است.

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 مشخص شده که همبستگی منفی ($r = -0.655$) بوده است یعنی ارقامی که بیشترین تعداد گره داشته‌اند (ارقام NAHO،



شکل ۳- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت تعداد گره.
 حروف غیر مشترک نشان دهنده وجود اختلاف معنی دار 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

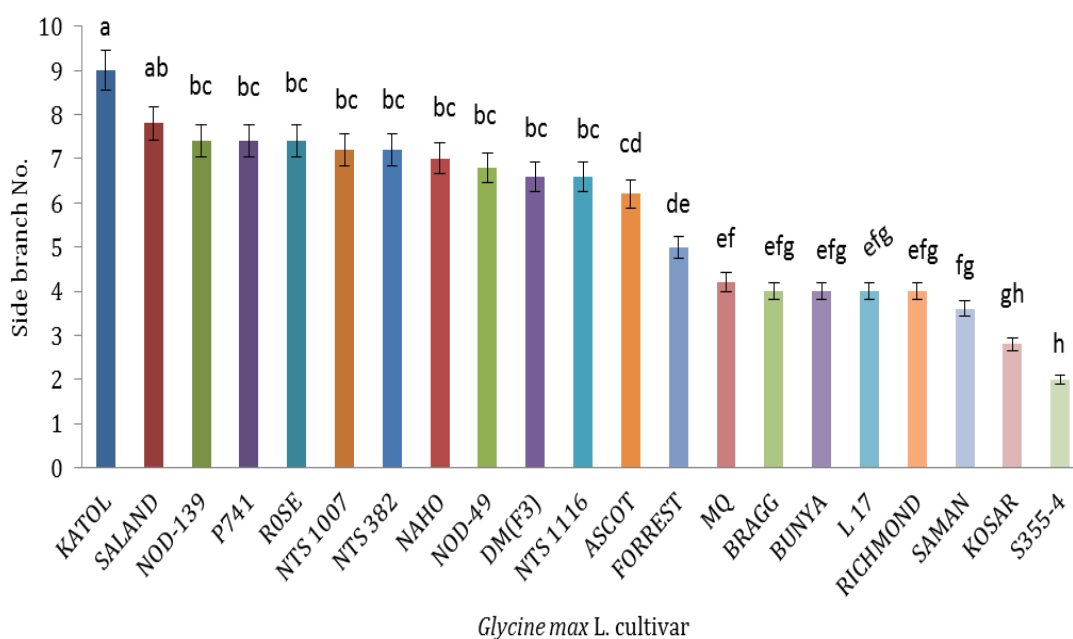


شکل ۴- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت فاصله بین گره‌ها (سانتی‌متر).
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است.

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.

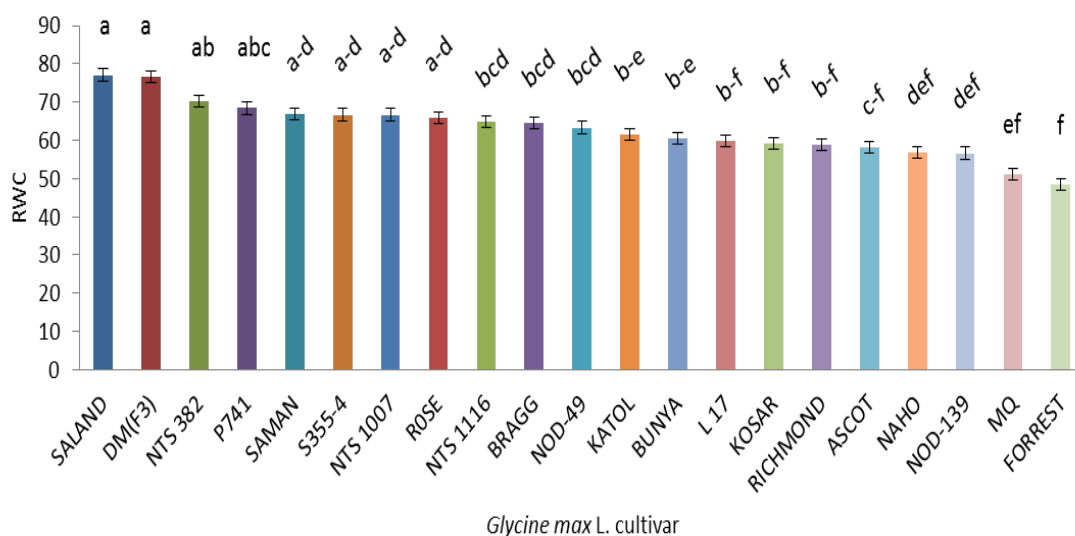
بیشترین فاصله بین گره بوده‌اند، جزو دسته حاوی کمترین شاخه جانبی نیز بوده‌اند.
بیشترین مقدار نسبی آب (RWC) (۷۷/۱ درصد) مربوط به ارقام SALAND و DM(F3) و کمترین مقدار نسبی آب (RWC) (۴۸/۴) مربوط به رقم FORREST بوده است (شکل ۶). با توجه به اینکه RWC معیار مناسبی جهت انتخاب ارقام مقاوم به خشکی بوده لذا می‌توان 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.

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 ($r = -0.2854$). ارقامی مانند BRAGG و SAMAN که جزو ارقامی با دارا بودن



شکل ۵- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت تعداد شاخه جانبی
حروف غیر مشترک نشان دهنده وجود اختلاف معنی دار 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

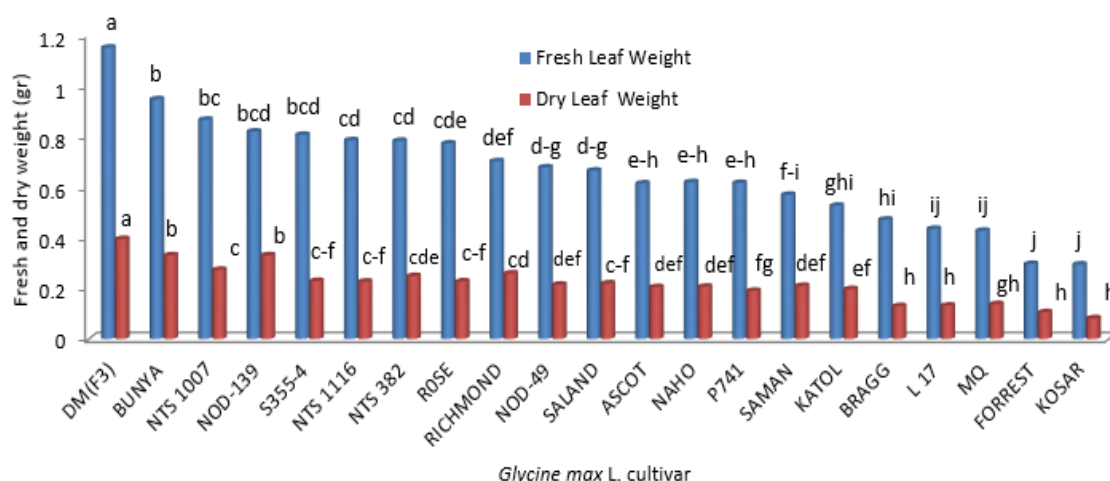


شکل ۶- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت RWC (درصد)
حروف غیر مشترک نشان دهنده وجود اختلاف معنی دار بین ارقام مختلف است

Figure 6. Evaluation of different soybean cultivars based on the RWC trait (%)
Non-common letters indicate significant differences between different cultivars

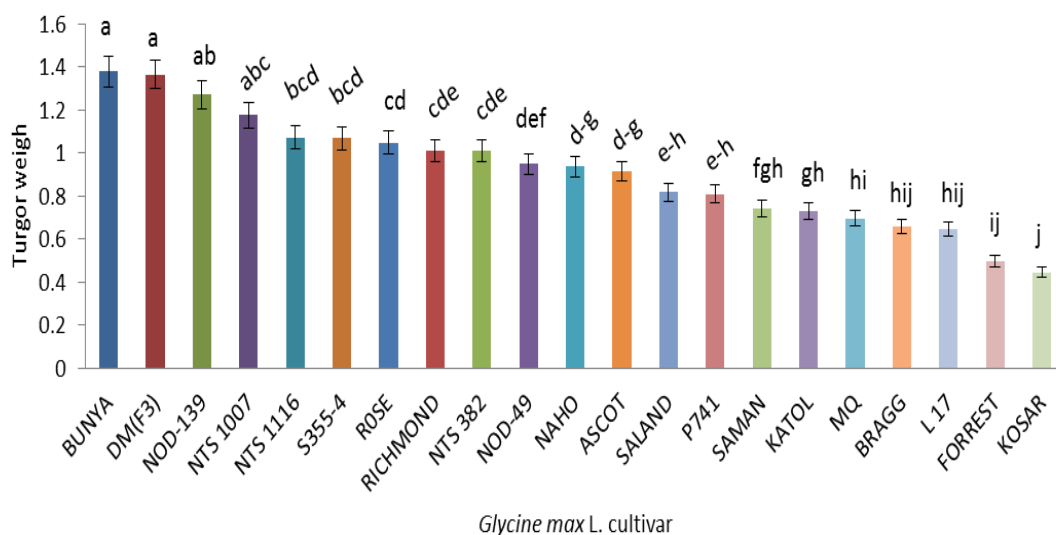
تورژسانس برگ (۱/۳۷۷) مربوط به ارقام BUNYA و DM(F3) و کمترین میزان (۰/۴۴) مربوط به رقم KOSAR بوده است (شکل ۸).

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



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

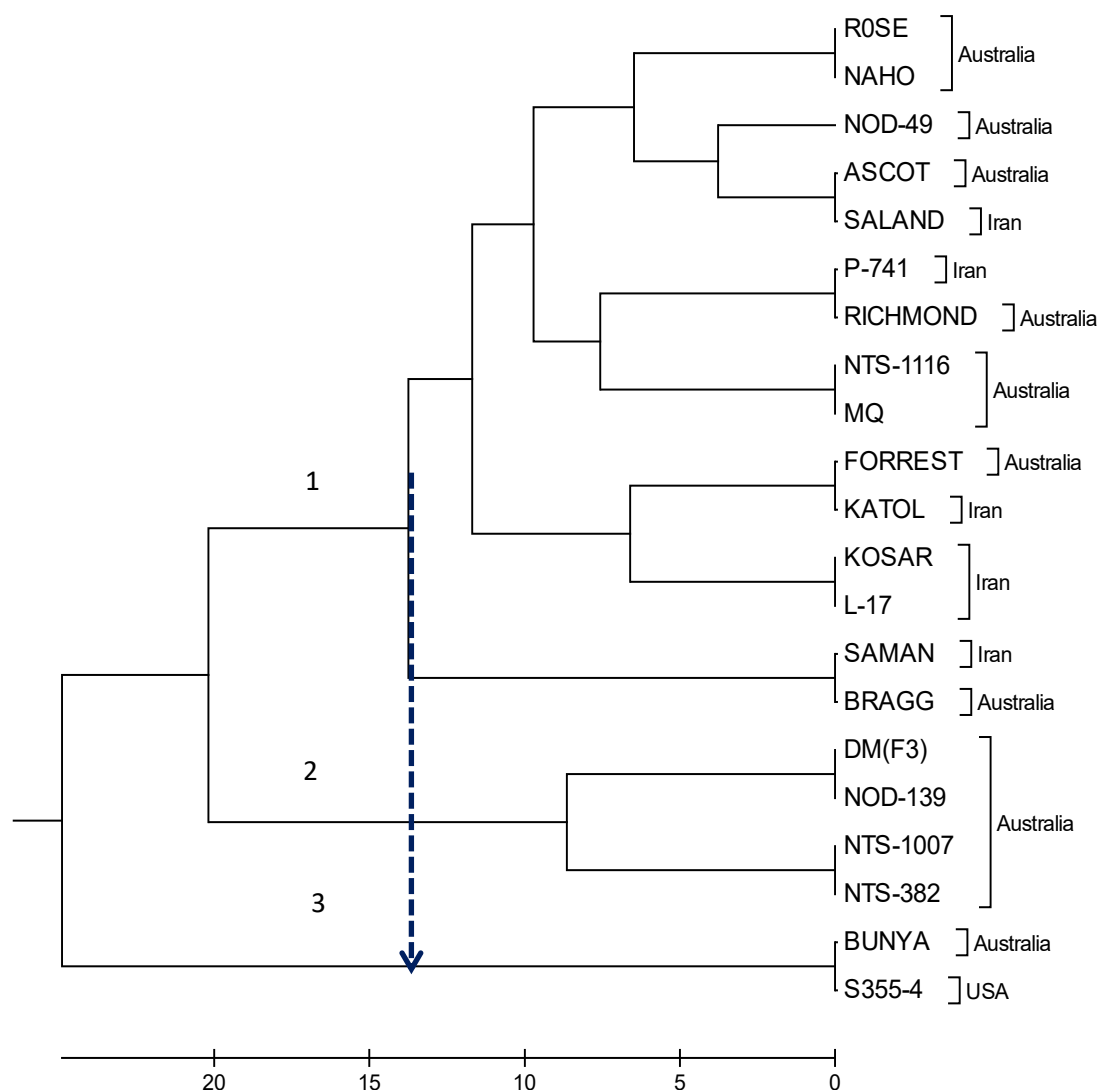


شکل ۸- ارزیابی ارقام مختلف سویا بر اساس صفت تورژسانس برگ
حروف غیر مشترک نشان‌دهنده وجود اختلاف معنی‌دار بین ارقام مختلف است

Figure 8. Evaluation of different soybean cultivars based on the trait of leaf turgor
Non-common letters indicate significant differences between different figures

ژنوتیپ‌های NOD-139، NTS 1007، NTS 382 و DM(F3) قرار گرفتند و در گروه سوم ژنوتیپ‌های BUNYA و S355-4 قرار گرفتند. با آنکه، 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.

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 NTS 1116، KATOL، ROSE، NAHO، L 17، NOD-49، MQ، SALAND، ASCOT، RICHMOND، P741، KOSAR، FORREST و SAMAN قرار گرفتند. در گروه دوم



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

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 قابل اندازه‌گیری، به میزان زیادی متأثر از عوامل محیطی است. به عبارتی این عوامل محیطی هستند که بر بروز صفات مورفولوژیکی تأثیر می‌گذارند (Sadeqi et al., 2019).

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). از این رو 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 مورفولوژیکی یک پشتوانه ژنتیکی گسترده‌ای را دربر می‌گیرد

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. sativum* تحت تأثیر شوری بیشتری قرار می‌گیرد در صورتی‌که *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 برگ 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 *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 متحمل‌ترین ارقام نسبت به شرایط محیطی خواهند بود.

دانش کافی از ساختار ژرم‌پلاسماها، 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 فرایندهای مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی مهم مانند توسعه 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 الکتریکی 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 در نتیجه 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 بالایی دارند مؤثرترین ارقام از لحاظ استفاده به‌عنوان علوفه هستند که بر اساس نتایج تحقیق حاضر، ارقام DM(F3) و سپس رقم BUNYA، مؤثرترین ارقام از لحاظ 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 (۰۳۳، ۰۳۲) 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

در انجام یک برنامه مؤثر به منظور 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 به منظور 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 به عنوان منابع اصلی لاین‌های اصلاحی برای بهبود ژنتیکی سویای گیاهی استفاده شود. ضمناً 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.

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 ژرمپلاس، انتخاب روش مناسب اصلاحی، انتخاب مناسب خویشاوندان به منظور 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 ژرمپلاس می‌گویند که ماده اصلی برای یک برنامه اصلاحی است. اکوتیپ‌ها، بیوتیپ‌ها و شیموتیپ‌ها نیز به عنوان منابع ژرمپلاس جدید مطرح هستند. اکوتیپ‌ها دارای صفات مورفولوژیک، 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 ژرمپلاس، اطمینان از در دسترس بودن یک ژرمپلاس مفید در زمان مورد نیاز می‌باشد که در میان واریته‌های بومی قدیمی سازگار و خویشاوندان وحشی به عنوان منابع ژرمپلاس، تکیه‌گاه اصلی برنامه‌های اصلاحی می‌باشند. به علاوه ادامه روند جستجوی واریته‌های زراعی پر محصول و مقاوم به آفات و عوامل بیماری‌زا، به فراهم بودن یک مجموعه ژرمپلاس بزرگ نیاز است. مدیریت تنوع طبیعی موجود در ارقام اهلی و خویشاوندان وحشی یک گونه گیاهی

منابع

- Abideen, Z., Koyro, H. W., Hussain, T., Rasheed, A., Alwahibi, M. S., Elshikh, M. S., Hussain, M. I., Zulfikar, 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.

- 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., Ligerio, 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., Ajamnoroz, 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., & Aliniaefard, 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.

- 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. *Potravinárstvo 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.