



مجله پژوهش‌های تولید گیاهی

جلد نوزدهم، شماره سوم، ۱۳۹۱
<http://jopp.gau.ac.ir>

ارزیابی کلونی و تخمین قرابت ژنتیکی ژنوتیپ‌های فسکیوی بلند (*Festuca arundinacea* Schreb.)

مریم ابراهیمیان^۱، محمد مهدی مجیدی^۲ و آقا فخر میرلوحی^۳

^۱دانشجوی کارشناسی ارشد گروه اصلاح نباتات، دانشگاه صنعتی اصفهان، آستادیار گروه اصلاح نباتات،
دانشگاه صنعتی اصفهان، آستاد گروه اصلاح نباتات، دانشگاه صنعتی اصفهان

چکیده

در این مطالعه ارزیابی کلونی به منظور بررسی میزان تنوع ژنتیکی و قرابت بین ۵۰ ژنوتیپ فسکیوی بلند صورت گرفت. مواد ژنتیکی مورد استفاده تعداد ۵۰ ژنوتیپ داخلی و خارجی بود که به صورت کلون‌های تکراردار در قالب طرح آماری بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار طی سال‌های ۱۳۸۸ و ۱۳۸۹ بر اساس مجموعه‌ای از خصوصیات زراعی، فنولوژیک و مورفولوژیک ارزیابی شدند. نتایج نشان داد که تفاوت بین ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات معنی‌دار بود که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بالا از نظر صفات مختلف می‌باشد. برآورد ضرایب تنوع ژنتیکی نشان داد که صفات عملکرد علوفه تر و عملکرد علوفه خشک برداشت اول از بیش‌ترین میزان تنوع برخوردار بودند در حالی که کم‌ترین میزان تنوع ژنتیکی مربوط به روز تا گرده افشانی و ارتفاع بوته بود. صفات روز تا گرده افشانی و قطر یقه از وراثت پذیری بالایی برخوردار بودند که نشان می‌دهد امکان بهبود ژنتیکی این صفات از طریق گزینش مستقیم در برنامه‌های اصلاحی بیش‌تر از سایر صفات است. همبستگی عملکرد علوفه خشک با صفت روز تا گرده افشانی منفی و با سایر صفات به غیر از عرض برگ پرچم مثبت و بسیار معنی‌دار بود که نشان می‌دهد امکان گزینش غیر مستقیم برای عملکرد از طریق سایر اجزای عملکرد وجود دارد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس تجزیه خوشه‌ای آن‌ها را در ۵ گروه مجزا طبقه‌بندی کرد که بر مبنای آن‌ها ژنوتیپ‌های دارای فواصل ژنتیکی بیش‌تر به منظور استفاده در مطالعات بعدی شناسایی شدند.

واژه‌های کلیدی: ارزیابی کلونی، تنوع ژنتیکی، فسکیوی بلند، وراثت‌پذیری

*مسئول مکاتبه: majidi@cc.iut.ac.ir

مقدمه

نقش و جایگاه گیاهان علوفه‌ای به‌طور عام و گراس‌ها به‌طور خاص در تأمین مواد پروتئینی و لبنی، حفظ حاصل‌خیزی خاک، حفظ پوشش گیاهی، جلوگیری از فشار بیش از حد دام بر مراتع، جلوگیری از فرسایش خاک و جاری شدن سیلاب‌ها باعث گردیده که در سطح جهانی و به‌ویژه در سال‌های اخیر به شدت مورد توجه قرار گیرند (وانگ و همکاران، ۲۰۰۱؛ کسپرور، ۱۹۹۰). طی قرن گذشته روش‌های کلاسیک اصلاح نباتات بیش‌ترین نقش را در بهبود ژنتیکی گراس‌های علوفه‌ای و چمنی به‌منظور افزایش تولید و کاربرد آنها داشته است (وانگ و همکاران، ۲۰۰۱؛ فانگ و همکاران، ۲۰۰۴). با این حال وجود مسائلی مانند پیچیدگی ژنتیکی، چند ساله بودن و دگرگشتی (عموماً ناشی از خود ناسازگاری و نرعمیمی) موجب شده که کارایی روش‌های کلاسیک در گراس‌ها و حتی سایر گیاهان علوفه‌ای در مقایسه با سایر گیاهان زراعی کم‌تر باشد (اسلیپر و پولمن، ۲۰۰۶).

فسکیوی بلند یکی از گونه‌های هگزابلوئید، چند ساله و سردسیری در این جنس است که به‌دلیل خصوصیات همچون توان سازگاری به شرایط مختلف محیطی و تولید بالا از اهمیت خاصی برخوردار است (ساحا و همکاران، ۲۰۰۵؛ محمدی و همکاران، ۲۰۰۹b). این گیاه از جمله گراس‌های پرتولید و پربینه محسوب شده و بیش‌تر عوامل نامساعد و تنش‌های محیطی را تحمل می‌کند به‌طوری‌که با دارا بودن سیستم ریشه‌ای قوی و دیرزیستی بالا به‌عنوان یکی از اجزای اصلی مراتع محسوب شده و در کشت زراعی نیز به تنهایی و یا به‌صورت مخلوط با لگوم‌ها، به لحاظ کمی و کیفی علوفه مطلوبی تولید می‌نماید (وست، ۱۹۹۴؛ گیسون و نیومن، ۲۰۰۱). از علوفه آن می‌توان به شکل چرای مستقیم، تولید علوفه خشک و نیز علوفه سیلو شده استفاده کرد. فسکیوی بلند در ایران نیز پراکنش خوبی دارد و در بیش‌تر مراتع، چراگاه‌ها و نواحی کوهستانی به‌ویژه مناطق مرکزی، غربی و شمالی کشور رویش داشته و از پتانسیل بالایی برای تولید علوفه به‌صورت زراعی و مرتعی برخوردار می‌باشد. با این حال کشت زراعی آن در ایران هنوز رایج نشده است (خیام نکویی و همکاران، ۲۰۰۰؛ خیام نکویی، ۲۰۰۱). به‌نژادی و تولید ارقام سازگار و پرمحصول از گونه‌هایی نظیر فسکیوی بلند که ضمن تولید علوفه مناسب، به دامنه وسیعی از محیط‌ها سازگار بوده و در برابر بیش‌تر تنش‌ها، شرایط نامساعد محیطی و چرای دام متحمل می‌باشند، راهگشا است به‌طوری‌که ضرورت خودکفایی در تولید علوفه و احیای مراتع کشور سبب شده که این گیاه در سال‌های اخیر بیشتر مورد توجه قرار گیرد.

هر چند اصلاح ژنتیکی فسکیوی بلند به‌دلیل مشابه مشکلات سایر گیاهان دگرگشتن با

محدودیت‌هایی روبرو بوده است، ایجاد رقم ترکیبی^۱ همچنان مرسوم‌ترین روش اصلاحی در فسکیوی بلند است (ووگل و پدرسون، ۱۹۹۳؛ ها، ۲۰۰۰). اساس رقم ترکیبی به منظور بهره‌برداری از قدرت رشد هیبرید حاصل از ترکیب کلون‌های برتر، ضمن اجتناب از کاهش قدرت رشد ناشی از خویش‌آمیزی نزدیک از طریق محدود نمودن تعداد نسل‌های تکثیر بذر، بنیان نهاده شده است (محمدی و همکاران، ۲۰۰۹a؛ کولیکر و همکاران، ۲۰۰۵). در این راستا ارزیابی، توصیف و معرفی والدین مناسب اولین گام محسوب شده تا بتوان ضمن بهره‌برداری و استفاده صحیح و اصولی، بستر لازم را برای پژوهش‌های بعدی هموار ساخت.

برای کاهش اثر خویش‌آمیزی در رقم ترکیبی برخی اصلاح‌گران استفاده از تعداد بیش‌تری والد را برای تلاقی توصیه می‌کنند. به‌عنوان مثال یک رقم فسکیوی بلند به نام میسوری ۹۶^۲ در آمریکا ۱۳ والد داشته است (آسای و اسلیپر، ۱۹۷۹). با این حال این موضوع یک قانون عمومی نیست به‌طوری که رقم مارتین^۳ تنها با ۲ والد ایجاد شده و پس از چندین نسل پس‌روی ناشی از خویش‌آمیزی در آن ناچیز بوده و سازگاری بالایی به دامنه وسیعی از محیط‌ها دارا می‌باشد (کسپرور، ۱۹۹۰). این مثال‌ها نشان می‌دهند که مرحله انتخاب والدین برای ایجاد رقم ترکیبی بسیار مهم بوده و تنها پس از انجام مطالعات پایه در ژرم پلاسما می‌توان نسبت به انتخاب والدین مناسب اقدام کرد. پس از ارزیابی درون ژرم پلاسما جمع‌آوری شده و گزینش مقدماتی، بایستی از طریق آزمون‌های کلونی، به‌عنوان گام بعدی روی ژنوتیپ‌ها، اثرات محیطی و ژنتیکی را به‌طور دقیق‌تری برآورد نمود. اگرچه در گراس‌های چند ساله ارزش ارزیابی‌های کلونی تا حدودی به عملکرد کلون و قابلیت ترکیب پذیری عمومی آن در تلاقی با سایر کلون‌ها بستگی دارد، این ارتباط در فسکیوی بلند مشخص نشده است. با این حال آنچه مسلم است برای بسیاری از خصوصیات برآورد پارامترهای ژنتیکی از جمله وراثت‌پذیری با استفاده از مواد کلونی با اطمینان و دقت بیشتری صورت می‌پذیرد. کارداس و ودفیلد (۱۹۹۰) از مواد کلونی در شبدر برای برآورد وراثت‌پذیری صفات استفاده کردند. سیمونسن (۱۹۷۶) در فستوکا و جعفری و همکاران (۲۰۰۱) در چچم چندساله (*Lolium perenne*) از این روش برای برآورد پارامترهای ژنتیکی، ارزیابی مقدماتی و بررسی اثرات زمان رسیدن روی تولید علوفه استفاده نمودند. در فسکیوی

- 1- Synthetic variety
- 2- Missouri96
- 3- Martin

بلند نیز از کلون‌های تکرار شده به‌منظور تخمین میزان تنوع ژنتیکی و قابلیت توارث صفات بذری استفاده شده و گزارش گردیده است که گزینش بر این مبنا میزان عملکرد بذر را تا ۲۰ درصد افزایش می‌دهد (بین، ۱۹۷۲). جعفری و جاورسینه (۲۰۰۶) به منظور تخمین وراثت‌پذیری و بازده ژنتیکی عملکرد و کیفیت علوفه، فامیل‌های ناتنی فسکیوی بلند را مورد مطالعه قرار دادند. آنها وراثت‌پذیری عملکرد علوفه و تاریخ ظهور خوشه را به‌ترتیب ۵۵ و ۹۲ درصد گزارش نمودند و نشان دادند که بر اساس پیش‌بینی بازده ژنتیکی گزینش ۲۰ درصد از ژنوتیپ‌ها در هر نسل برای دو صفت مذکور به‌ترتیب ۱۴ و ۲۰ واحد موفقیت به همراه خواهد داشت. دی‌آرجو و کلمن (۲۰۰۲) وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی عملکرد علوفه خشک را به‌ترتیب ۴۸ و ۳۳ درصد گزارش کردند. بردال و برکر (۱۹۹۷) از طریق ارزیابی کلونی و آزمون نتاج در آگروپایرون، وراثت‌پذیری ارتفاع و تاریخ گلدهی را به‌ترتیب ۴۵ و ۵۰ درصد برآورد کرده و بیان نمودند که ارزیابی کلونی برای انتخاب صفات دارای وراثت‌پذیری بالا و آزمون نتاج برای صفات پیچیده‌تر نظیر عملکرد مناسب است. نظر به اینکه مبنای تدوین پروژه‌های اصلاحی به‌ویژه توسعه وارپته ترکیبی بر جمع آوری، ارزیابی و معرفی والدین گیاهی مناسب استوار است، این مطالعه از طریق ارزیابی‌های کلونی ژنوتیپ‌های گزینش یافته فسکیوی بلند به منظور بررسی میزان تنوع ژنتیکی و تعیین میزان تفاوت‌ها و شباهت‌های بین ژنوتیپ‌های گزینش شده، بررسی امکان تمایز ژنوتیپ‌ها براساس ارزیابی کلونی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر برای مطالعات آبی و بررسی ارتباط بین صفات و تعیین موثرترین صفات در انتخاب غیر مستقیم به منظور افزایش عملکرد علوفه خشک انجام گردید.

مواد و روش‌ها

مواد ژنتیکی مورد استفاده در این پژوهش بر مبنای مطالعه مجیدی و همکاران (۲۰۰۹ a) و (۲۰۰۹b) بر روی ژرم پلاس فسکیوی بلند انتخاب گردیدند. به این منظور پس از بررسی تنوع ژنتیکی بین و درون جوامع داخلی و خارجی فسکیوی بلند در مطالعه آنها، نظر به اینکه گزینش ژنوتیپ‌های برتر و بررسی تکمیلی آنها در محیط‌های دیگر می‌تواند به شناخت پتانسیل ژنتیکی واقعی آنها برای بهره‌گیری در مطالعات اصلاحی بعدی نظیر تعیین والدین در ایجاد وارپته‌ها کمک نماید، در این مطالعه تعداد ۵۰ ژنوتیپ برتر (جدول ۱) از درون جوامع اولیه انتخاب شد و به مزرعه داخلی دانشگاه صنعتی اصفهان منتقل گردیدند.

ژنوتیپ‌ها در زمستان ۱۳۸۷ به خزانه ارزیابی منتقل و به صورت کلون‌های تکراردار در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار کشت گردیدند. هر کلون در زمان انتقال شامل ۵ پنجه رویشی بود. کلون‌ها در فاصله ۵۰ سانتی‌متری از یکدیگر کشت شدند. پس از کشت کلون‌ها، آبیاری اول بلافاصله پس از کشت و آبیاری‌های بعدی تا دو هفته هر ۳ روز و پس از آن هر ۷ روز یک بار انجام شد. ارزیابی کلون‌ها طی سال‌های ۱۳۸۸ و ۱۳۸۹ انجام گردید به این منظور مجموعه‌ای از صفات زراعی، فنولوژیک و مورفولوژیک مورد بررسی قرار گرفت. نحوه اندازه‌گیری صفات مورد مطالعه در جدول ۲ آمده است. تجزیه واریانس به‌منظور آزمون معنی‌داری بین کلون‌ها به صورت طرح کرت‌های خرد شده در زمان (سال) انجام گردید. اجزای متشکله واریانس براساس امید ریاضی طرح آماری بلوک‌های کامل تصادفی محاسبه و براساس آنها ضرایب تنوع ژنتیکی و فنوتیپی صفات براساس کلون‌های تکرار شده در هر یک از دو سال به شرح زیر برآورد گردید (گلین و دیوان، ۱۹۵۳؛ هالور و میراندا، ۲۰۱۰):

ضریب تنوع ژنوتیپی = جذر واریانس ژنوتیپی تقسیم بر میانگین کل

ضریب تنوع فنوتیپی = جذر واریانس فنوتیپی تقسیم بر میانگین کل

به‌منظور محاسبه وراثت‌پذیری (نسبت واریانس ژنتیکی به فنوتیپی) اجزا واریانس با استفاده از امید ریاضی از طرح کرت‌های خرد شده در زمان (سال) استفاده شد. ارتباط بین ویژگی‌های مختلف از طریق برآورد ضرایب همبستگی محاسبه گردید. به‌منظور بررسی اثرات مستقیم و غیر مستقیم صفات بر عملکرد علوفه خشک سالانه از تجزیه علیت استفاده شد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها پس از تشکیل ماتریس فاصله اقلیدسی، به روش وارد^۱ انجام و گروه‌ها برای تمامی صفات مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند (مجیدی و ارزانی، ۲۰۱۰).

جدول ۱- ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در ارزیابی کلونی ۵۰ ژنوتیپ از فسکیوی بلند.

ژنوتیپ	کد جمعیت اولیه	منشاء جمعیت اولیه	ژنوتیپ	کد جمعیت اولیه	منشاء جمعیت اولیه
۱	L2P6R1	اصفهان-کلکسیون یزد آباد	۲۶	O8P4R3	اصفهان - بانک ژن فزوه
۲	M9P6R3	اصفهان - داران	۲۷	O6P5R2	اصفهان-کلکسیون یزد
۳	M9P5R3	اصفهان - داران	۲۸	L6P3R1	کهکیلویه و بویراحمد-
۴	M9P6R3	اصفهان - داران	۲۹	M10P6R2	اصفهان - بانک ژن فزوه
۵	L2P6R1	اصفهان-کلکسیون یزد آباد	۳۰	O6P5R2	اصفهان-کلکسیون یزد
۶	M9P6R3	اصفهان - داران	۳۱	M9P5R3	اصفهان - داران
۷	L2P6R1	اصفهان-کلکسیون یزد آباد	۳۲	M10P6R2	اصفهان - بانک ژن فزوه
۸	L2P6R1	اصفهان-کلکسیون یزد آباد	۳۳	J6P2R3	لهستان - نامشخص
۹	L2P6R1	اصفهان-کلکسیون یزد آباد	۳۴	N1P2R3	آمریکا- رقم تجاری
۱۰	O8P4R3	اصفهان - بانک ژن فزوه	۳۵	O6P5R2	اصفهان-کلکسیون یزد
۱۱	L6P2R3	کهکیلویه و بویراحمد- یاسوج	۳۶	G9P2R2	اصفهان - بانک ژن فزوه
۱۲	O8P4R3	اصفهان - بانک ژن فزوه	۳۷	L12P5R1	اصفهان - مبارکه
۱۳	M9P6R3	اصفهان - داران	۳۸	O6P5R2	اصفهان-کلکسیون یزد
۱۴	M10P4R2	اصفهان - بانک ژن فزوه	۳۹	O8P4R3	اصفهان - بانک ژن فزوه
۱۵	M9P6R3	اصفهان - داران	۴۰	N10P5R2	آمریکا- رقم New
۱۶	M9P6R3	اصفهان - داران	۴۱	M10P4R2	اصفهان - بانک ژن فزوه
۱۷	L2P6R1	اصفهان-کلکسیون یزد آباد	۴۲	O6P5R2	اصفهان-کلکسیون یزد
۱۸	L6P2R3	کهکیلویه و بویراحمد- یاسوج	۴۳	A4P2R2	سمنان - شاهرود
۱۹	M9P6R3	اصفهان - داران	۴۴	O8P6R2	اصفهان - بانک ژن فزوه
۲۰	N10P5R2	آمریکا- رقم New Jersey	۴۵	N10P5R2	آمریکا- رقم New
۲۱	M9P6R3	اصفهان - داران	۴۶	G9P2R2	اصفهان - بانک ژن فزوه
۲۲	M10P6R2	اصفهان - بانک ژن فزوه	۴۷	O6P5R2	اصفهان-کلکسیون یزد
۲۳	M10P6R2	اصفهان - بانک ژن فزوه	۴۸	L12P5R1	اصفهان - مبارکه
۲۴	A4P6R1	سمنان - شاهرود	۴۹	A4P2R2	سمنان - شاهرود
۲۵	G9P2R2	اصفهان - بانک ژن فزوه	۵۰	L6P3R1	کهکیلویه و بویراحمد-

جدول ۲- صفات مورد بررسی و نحوه اندازه‌گیری آنها در ژنوتیپ‌های فسکیوی بلند.

نحوه اندازه‌گیری صفات	صفت مورد بررسی
تعداد روز از اول اسفند تا ظاهر شدن پرچم‌ها در سه خوشه از هر بوته	۱- تعداد روز تا گرده افشانی
میانگین طول برگ پرچم روی پنجه بارور در زمان گرده افشانی	۲- طول برگ پرچم (سانتی‌متر)
میانگین عرض برگ پرچم روی سه پنجه بارور در زمان گرده افشانی	۳- عرض برگ پرچم (سانتی‌متر)
شمارش تعداد ساقه در زمان گرده افشانی	۴- تعداد ساقه بارور
وزن خشک علوفه نمونه‌ها پس از ۴۸ ساعت در دمای ۶۵ درجه سانتی‌گراد	۵- عملکرد علوفه خشک برداشت اول (گرم)
وزن علوفه تازه پس از برداشت در مزرعه	۶- عملکرد علوفه تر برداشت اول (گرم)
وزن خشک علوفه نمونه‌ها پس از ۴۸ ساعت در دمای ۶۵ درجه سانتی‌گراد	۷- عملکرد خشک برداشت دوم (گرم)
وزن علوفه تازه برداشت دوم (رشد مجدد) پس از برداشت در مزرعه	۸- عملکرد تر برداشت دوم (گرم)
قطر طوقه (پوشش ریزومی سطح خاک) پس از برداشت بوته	۹- قطر یقه برداشت اول (سانتی‌متر)
قطر طوقه (پوشش ریزومی سطح خاک) پس از برداشت بوته	۱۰- قطر یقه برداشت دوم (سانتی‌متر)
ارتفاع بلندترین ساقه‌ها در زمان گرده افشانی	۱۱- ارتفاع بوته (سانتی‌متر)

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس برای صفات مختلف نشان داد که تفاوت ژنوتیپ‌ها برای همه صفات و تفاوت سال‌ها نیز برای تمامی صفات به غیر از عرض برگ پرچم بسیار معنی‌دار بود (جدول ۳). اثر متقابل ژنوتیپ و سال نیز برای تمامی صفات به غیر از عرض برگ پرچم معنی‌دار بود که نشان می‌دهد واکنش ژنوتیپ‌ها در بروز این گونه صفات طی سال‌های اول و دوم متفاوت بوده است.

برآورد ضرایب تنوع ژنتیکی (جدول ۴) نشان داد که عملکرد علوفه‌تر و عملکرد علوفه خشک برداشت اول از بیش‌ترین میزان تنوع برخوردار است (در سال اول عملکرد علوفه خشک: ۴۳/۹ درصد و عملکرد علوفه تر: ۳۵/۸ درصد، در سال دوم عملکرد علوفه خشک: ۶۰/۳ درصد و عملکرد علوفه تر: ۷۴/۶ درصد) و پس از آن تعداد ساقه بارور (۱۱/۸ درصد در سال اول و ۵۴/۴ درصد در سال دوم) و طول برگ پرچم (۲۲/۶ درصد در سال اول و ۴۴/۸ درصد در سال دوم) در رتبه‌های بعدی قرار گرفتند. کم‌ترین میزان تنوع ژنتیکی مربوط به روز تا گرده افشانی (۱۰/۱ درصد در سال اول و ۷/۳ درصد در سال دوم) و ارتفاع بوته (۸/۸ درصد در سال اول و ۱۰/۴ درصد در سال دوم) بود که نشان داد نوعی یکنواختی نسبی بین ژنوتیپ‌ها از نظر زمان گل‌دهی و ارتفاع بوته وجود دارد که می‌تواند انجام پلی‌کراس و آزمون نتاج ژنوتیپ‌ها را در مطالعات بعدی تسهیل کند. در مطالعه حاضر ضرایب

تنوع فنوتیپی برای تمامی صفات از ضرایب تنوع ژنتیکی بزرگ‌تر بودند (جدول ۴). با این وجود اختلاف ناچیز بین این دو ضریب برای صفت روز تا گرده‌افشانی بیانگر کم بودن اثر محیط در برآورد این صفت می‌باشد. اختلاف ناچیز بین این دو ضریب برای صفات روز تا خوشه‌دهی و روز تا گرده‌افشانی در مطالعات دیگر روی آگروپایرون و اسپرس نیز گزارش شده است (محمدی و همکاران، ۲۰۰۹ a؛ مجیدی و ارزانی، ۲۰۱۰). وجود تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به ویژه برای صفات مهم نشان می‌دهد که پتانسیل ژنتیکی بالایی در ژرم پلاسما مورد مطالعه وجود دارد که احتمال ایجاد هتروزیس بالا در نسل‌های بعد را افزایش داده و نوید بخش توسعه واریته‌های پرتولید می‌باشد.

برآوردهای وراثت‌پذیری عمومی صفات در جدول ۴ نشان داده شده است. در مطالعه حاضر بیش‌ترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به روز تا گرده‌افشانی (۸۳ درصد) بود و صفات قطر یقه، عرض برگ پرچم و ارتفاع بوته دارای وراثت‌پذیری نسبتاً بالا (بیشتر از ۵۰ درصد) بودند. درحالی‌که سایر صفات دارای وراثت‌پذیری متوسط (بین ۲۰-۵۰ درصد) بودند. کم‌ترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به صفت تعداد ساقه بارور بود به طوری‌که وراثت‌پذیری آن ۲۱ درصد برآورد گردید.

جدول ۴- آمار توصیفی، برآورد ضرایب تنوع فنوتیپی و ژنتیکی و قابلیت توارث عمومی برای برخی صفات مرفولوژیک و زراعی در ۵۰ ژنوتیپ فسکیوی بلند در سال‌های ۸۸ و ۸۹.

وراثت‌پذیری عمومی (%)	ضریب تنوع ژنتیکی (%)		ضریب تنوع فنوتیپی (%)		میانگین		صفت
	سال اول	سال دوم	سال اول	سال دوم	سال اول	سال دوم	
	۸۳	۱۰/۱	۷/۳	۱۰/۲	۷/۷	۷۳/۵۹	
۲۶	۲۲/۶	۴۴/۸	۲۵/۱	۴۵/۸	۱۰۷/۶۷	۶۳/۶۷	طول برگ پرچم (میلی‌متر)
۵۷	۱۲/۵	۲۳/۳	۱۶/۶	۲۴/۳	۵/۶۵	۴/۰۸	عرض برگ پرچم (میلی‌متر)
۲۱	۱۱/۸	۵۴/۴	۱۴/۱	۵۵/۶	۱۹/۹۶	۱۰۹/۱۶	تعداد ساقه بارور
۴۸	۴۳/۹	۶۰/۳	۴۸/۹	۶۱/۷	۶۷/۵۳	۱۲۹/۲۰	عملکرد علوفه خشک برداشت اول (گرم)
۴۳	۳۵/۸	۷۴/۶	۴۰/۹	۷۶/۰	۲۷۴/۴۶	۳۵۶/۶۰	عملکرد علوفه تر برداشت اول (گرم)
۴۷	۲۳/۷	۵۱/۳	۲۸/۰	۵۳/۵	۶۴/۵۳	۹۳/۷۶	عملکرد علوفه خشک برداشت دوم (گرم)
۴۸	۳۴/۳	۵۲/۱	۳۸/۰	۵۴/۸	۲۳۷/۱	۱۶۳/۸۴	عملکرد علوفه تر برداشت دوم (گرم)
۷۸	۱۴/۵	۲۰/۲	۱۸/۶	۲۱/۱	۱۲/۳۰	۱۵/۴۰	قطر یقه برداشت اول (سانتی‌متر)
۷۷	۱۴/۹	۲۲/۱	۱۸/۷	۲۳/۲	۱۲/۴۵	۱۶/۰۴	قطر یقه برداشت دوم (سانتی‌متر)
۵۶	۸/۸	۱۰/۴	۱۰/۷	۱۲/۹	۸۰/۴۷	۸۹/۳۰	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)

وراثت‌پذیری به عنوان معیاری جهت تخمین پاسخ مورد انتظار به گزینش در طراحی برنامه‌های اصلاحی کاربرد دارد. با این وجود تخمین وراثت‌پذیری برای یک صفت خاص بسته به روش برآورد، شرایط محیطی و همچنین نوع جمعیت ژنتیکی مورد استفاده متفاوت خواهد بود (هالور و همکاران، ۲۰۱۰). مجیدی و همکاران (۲۰۰۹a) در مطالعه جوامع فسکیوی بلند بیش‌ترین وراثت‌پذیری را در بین صفات مرفولوژیک مورد مطالعه برای روز تا گرده افشانی (۷۶ درصد) و کم‌ترین آن را برای تعداد ساقه بارور (۴۳ درصد) گزارش کردند که با نتایج این پژوهش مطابقت دارد. در مطالعه‌ای بر روی فامیل‌های فسکیوی بلند وراثت‌پذیری عملکرد علوفه و تاریخ ظهور خوشه به‌ترتیب ۵۵ و ۹۲ درصد برآورد گردید (جعفری و جاور سینه، ۲۰۰۶). بردال و برکر (۱۹۹۷) از طریق ارزیابی‌های کلونی در آگروپایرون، وراثت‌پذیری ارتفاع و تاریخ گلدهی را به‌ترتیب ۴۵ و ۵۰ درصد برآورد کرده و بیان نمودند که ارزیابی‌های کلونی برای انتخاب صفات دارای وراثت‌پذیری بالا و آزمون نتاج برای صفات پیچیده‌تر مانند عملکرد مناسب خواهد بود.

جدول ۵- ضرایب همبستگی پیرسون برای صفات مورد مطالعه در ۵۰ ژنوتیپ فسکیوی بلند.

صفات	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱
۱- تعداد روز تا گرده‌افشانی	۱										
۲- طول برگ پرچم (mm)	-۰/۱۳ ^{ns}	۱									
۳- عرض برگ پرچم (mm)	۰/۲۱ ^{ns}	۰/۶۹ ^{oo}	۱								
۴- تعداد ساقه بارور	-۰/۵۰ ^{oo}	۰/۱۷ ^{ns}	-۰/۰۳ ^{ns}	۱							
۵- عملکرد علوفه خشک برداشت اول (g)	-۰/۶۱ ^{oo}	۰/۴۵ ^{oo}	۰/۲۱ ^{ns}	۰/۷۱ ^{oo}	۱						
۶- عملکرد علوفه تر برداشت اول (g)	-۰/۴۶ ^{oo}	۰/۴۰ ^{oo}	۰/۲۶ ^{ns}	۰/۸۳ ^{oo}	۰/۹۰ ^{oo}	۱					
۷- عملکرد علوفه خشک برداشت دوم (g)	-۰/۵۸ ^{oo}	۰/۳۵ ^{oo}	۰/۱۶ ^{ns}	۰/۷۴ ^{oo}	۰/۸۶ ^{oo}	۰/۹۰ ^{oo}	۱				
۸- عملکرد علوفه تر برداشت دوم (g)	-۰/۵۷ ^{oo}	۰/۳۹ ^{oo}	۰/۲۰ ^{ns}	۰/۷۵ ^{oo}	۰/۸۵ ^{oo}	۰/۹۱ ^{oo}	۰/۹۵ ^{oo}	۱			
۹- قطر یقه برداشت اول (cm)	-۰/۴۱ ^{oo}	۰/۱۵ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۷۰ ^{oo}	۰/۶۸ ^{oo}	۰/۸۱ ^{oo}	۰/۷۹ ^{oo}	۰/۸۱ ^{oo}	۱		
۱۰- قطر یقه برداشت دوم (cm)	-۰/۴۵ ^{oo}	۰/۱۹ ^{ns}	۰/۰۹ ^{ns}	۰/۷۱ ^{oo}	۰/۷۴ ^{oo}	۰/۸۳ ^{oo}	۰/۸۳ ^{oo}	۰/۸۵ ^{oo}	۰/۹۳ ^{oo}	۱	
۱۱- ارتفاع بوته (cm)	-۰/۳۲ ^{oo}	۰/۴۱ ^{oo}	۰/۲۳ ^{ns}	۰/۳۷ ^{oo}	۰/۴۸ ^{oo}	۰/۶۰ ^{oo}	۰/۵۷ ^{oo}	۰/۶۳ ^{oo}	۰/۴۷ ^{oo}	۰/۴۸ ^{oo}	۱

^{oo}، ^o، ^{ns} به ترتیب عدم معنی‌داری، معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد و معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد می‌باشد.

ضرایب همبستگی بین صفات (جدول ۵) نشان داد که تعداد روز تا گرده‌افشانی با عملکرد علوفه خشک، عملکرد علوفه تر و قطر یقه در هر دو برداشت اول و دوم، تعداد ساقه بارور و ارتفاع بوته همبستگی منفی و معنی‌داری داشت. این موضوع نشان می‌دهد که اکوتیپ‌های زودرس‌تر از نظر اجزای عملکرد مقادیر بالاتری دارند و تأخیر در گل‌دهی (دیررسی) سبب کاهش این صفات و در نتیجه کاهش عملکرد علوفه می‌گردد. زمان گرده‌افشانی یکی از صفات مهم در تولید بذر در فسکیو می‌باشد به طوری که تنوع در آن می‌تواند موجب انجام تلاقی‌های جور شده، کاهش کیفیت بذر و رانده شدن ژنتیکی گردد (فانگ و همکاران، ۲۰۰۴). عملکرد علوفه خشک با تمامی صفات به غیر از عرض برگ پرچم همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت. در مجموع بیش‌ترین همبستگی عملکرد علوفه با صفات تعداد ساقه بارور و قطر یقه مشاهده شد. این نتایج بیانگر آن است که احتمال گزینش غیر مستقیم برای افزایش عملکرد علوفه خشک در هر دو برداشت از طریق اجزای عملکرد به‌ویژه تعداد ساقه بارور، قطر یقه و ارتفاع وجود دارد. نتایج مشابه توسط جعفری (۲۰۰۲) و نیز ویلکینز (۱۹۸۵) در چچم چند ساله و خیام نکویی و همکاران (۲۰۰۰) و محمدی و همکاران (b ۲۰۰۹) در فسکیوی بلند گزارش شده است. قطر یقه همبستگی معنی‌داری با ارتفاع و تعداد ساقه نشان داد. نظر به این‌که قطر یقه مجموعه‌ای از پنجه‌های رویشی و زایشی است، همبستگی بالای آن با تعداد ساقه دور از انتظار نیست. همبستگی‌های بالا

می‌تواند بیانگر وجود لینکاژ ژنی یا ژن‌هایی با اثرات چندگانه (پلیوتروپی) باشد. وجود این‌گونه همبستگی‌ها به پژوهشگر این امکان را می‌دهد که بتواند به طور غیر مستقیم و با دقت بیشتری با توجه به جمیع صفات عمل انتخاب را انجام دهد. به‌عنوان مثال همبستگی منفی عملکرد با تعداد روز تا گرده‌افشانی بیانگر آن است که انتخاب ژنوتیپ‌های زودرس احتمالاً منجر به افزایش عملکرد خواهد گردید. در نباتات دگرگشن انتخاب قبل از گل‌دهی به‌منظور جلوگیری از ادغام ریخته ارثی بوته‌های نامطلوب با بوته‌های مطلوب ضروری‌تر می‌باشد. در این زمینه همبستگی خواص اقتصادی با ویژگی‌های فنولوژیک گیاه یا صفاتی که به راحتی تشخیص داده می‌شوند، اصلاح‌گر را در بالا بردن بازده ناشی از انتخاب قبل از گلدهی یاری می‌دهد (اسلیپر و پولمن، ۲۰۰۶).

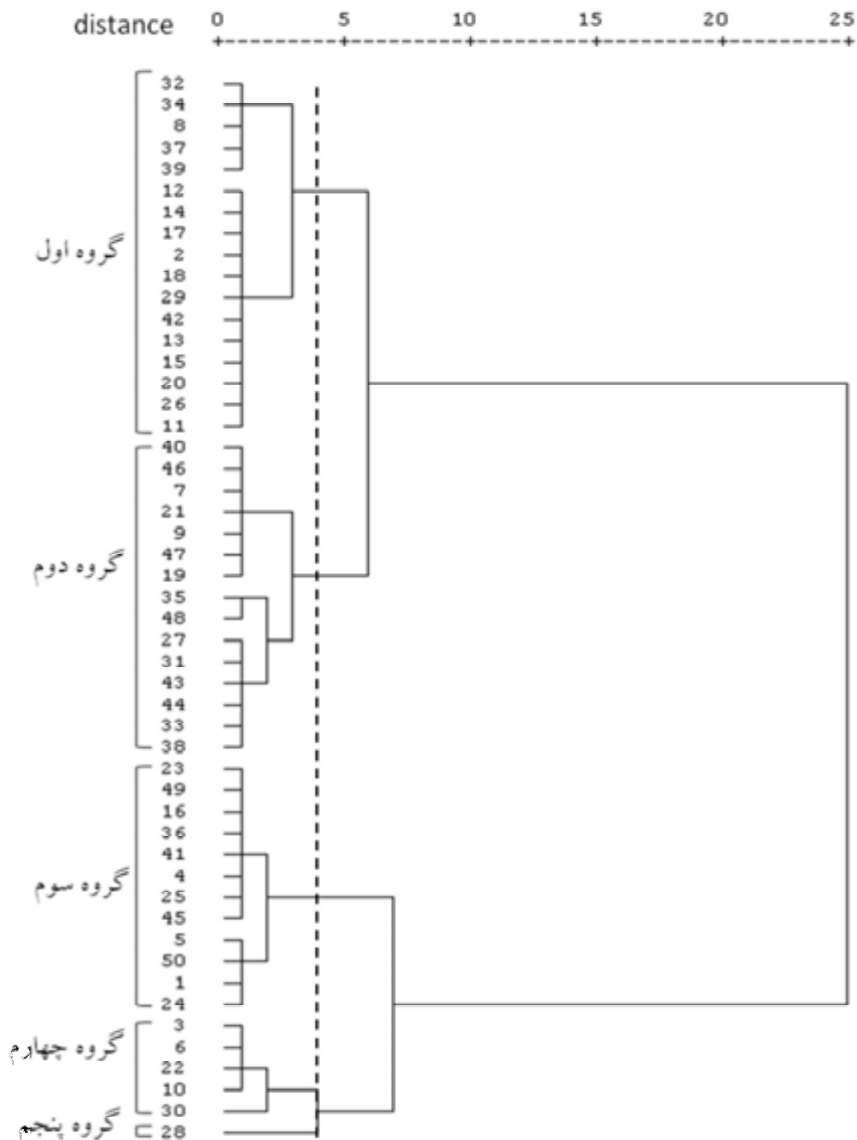
جدول ۶ - نتایج تجزیه علیت عملکرد علوفه خشک سالانه در ژنوتیپ‌های فسکیوی بلند.

مجموع اثرات	اثر غیر مستقیم						روز تا گرده افشانی	اثر مستقیم
	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	قطر یقه برداشت دوم (سانتی‌متر)	قطر یقه برداشت اول (سانتی‌متر)	تعداد ساقه بارور	عرض برگ‌پرچم (میلی‌متر)	طول برگ‌پرچم (میلی‌متر)		
-۰/۶۲	-۰/۰۱	-۰/۲۰	۰/۰۰	-۰/۱۳	۰/۰۲	-۰/۰۲	-۰/۲۷	روز تا گرده افشانی
۰/۴۲	۰/۰۲	۰/۰۸	۰/۰۰	۰/۰۴	۰/۰۵	۰/۰۳	۰/۱۹	طول برگ پرچم (میلی‌متر)
۰/۲۰	۰/۰۱	۰/۰۴	۰/۰۰	-۰/۰۱	۰/۱۳	-۰/۰۶	۰/۰۷	عرض برگ پرچم (میلی‌متر)
۰/۷۵	۰/۰۲	۰/۳۱	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۰۳	۰/۱۳	۰/۲۶	تعداد ساقه بارور
۰/۷۵	۰/۰۲	۰/۴۰	۰/۰۰	۰/۱۸	۰/۰۰	۰/۰۳	۰/۰۰	قطر یقه برداشت اول (سانتی‌متر)
۰/۸۱	۰/۰۲	۰/۰۰	۰/۰۰	۰/۱۸	۰/۰۱	۰/۰۴	۰/۱۲	قطر یقه برداشت دوم (سانتی‌متر)
۰/۵۳		۰/۲۱	۰/۰۰	۰/۱۰	۰/۰۲	۰/۰۸	۰/۰۸	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)

نتایج تجزیه علیت (جدول ۶) برای عملکرد علوفه خشک سالانه نشان داد که قطر یقه برداشت دوم بیش‌ترین تأثیر مستقیم را بر روی عملکرد داشت. در حالی که قطر یقه برداشت اول به‌صورت مستقیم تأثیری بر روی عملکرد علوفه نداشت و در واقع تأثیر غیرمستقیم آن از طریق قطر یقه برداشت دوم بود. افزایش تعداد ساقه بارور هم به‌صورت مستقیم و هم به صورت غیرمستقیم در افزایش عملکرد علوفه موثر بود. تاریخ گل‌دهی به‌صورت مستقیم اثر منفی بر افزایش عملکرد علوفه خشک سالانه داشت که نشان می‌دهد دیررسی باعث کاهش عملکرد خواهد شد. گروه‌بندی براساس تجزیه خوشه‌ای برای ۵۰ ژنوتیپ مورد مطالعه فسکیوی بلند (شکل ۱) ژنوتیپ‌ها را در ۵ گروه مجزا طبقه‌بندی کرد. نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین بین گروه‌ها نشان داد که گروه‌ها از نظر تمام صفات به غیر

از عرض برگ پرچم تفاوت معنی‌داری داشتند (جدول ۷). مقایسه میانگین صفات برای گروه‌ها همچنین نشان داد که گروه پنجم به تنهایی ژنوتیپ ۲۸ را در خود جای داد که پرمعلاک‌ترین ژنوتیپ بود و با سایر گروه‌های دیگر تفاوت معنی‌دار داشت. همچنین این ژنوتیپ بیش‌ترین عرض برگ پرچم، تعداد ساقه بارور، قطر یقه و ارتفاع بوته را نیز دارا بود. از نظر زمان گرده افشانی، ژنوتیپ ۲۸ واقع در گروه پنجم، در گروه متوسط‌رس قرار داشت. گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های ۳، ۶، ۱۰، ۲۲ و ۳۰ بود. ژنوتیپ‌های این گروه دارای عملکرد نسبتاً بالا بودند و از نظر زمان رسیدگی در گروه ژنوتیپ‌های زودرس قرار گرفتند. گروه دوم و سوم نیز دارای عملکرد متوسط بودند و از نظر زمان رسیدگی در گروه ژنوتیپ‌های متوسط‌رس قرار داشتند. گروه اول به‌عنوان بزرگ‌ترین گروه، شامل زودرس‌ترین ژنوتیپ‌ها بود که دارای پایین‌ترین عملکرد نیز بودند. در مجموع نتایج به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای بیانگر وجود رابطه معکوس بین عملکرد و زمان رسیدگی بود که این با نتایج به‌دست آمده از همبستگی (جدول ۵) مطابقت داشت. همچنین تطابقی بین گروه‌بندی به‌دست آمده با منشا ژنوتیپ‌ها مشاهده نگردید. اطلاعات به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای می‌تواند ما را در شناسایی ژنوتیپ‌هایی که فاصله بیشتری از یکدیگر دارند یاری دهد زیرا ژنوتیپ‌هایی که داخل یک گروه قرار می‌گیرند، قرابت ژنتیکی بیشتری به یکدیگر دارند. کولیکر و همکاران (۲۰۰۵) گزینش یک ژنوتیپ برتر از هر کلاستر (گروه) را برای تشکیل یک زیر مجموعه متنوع از والدین، مناسب تشخیص داده و نشان دادند که واریته ترکیبی *Syn1* و *Syn2* به‌دست آمده از این والدین، هتروزیس بیشتری در مقایسه با والدینی که همه از درون یک کلاستر (گروه) انتخاب شده بودند، داشتند. در آزمایش حاضر برخی از ژنوتیپ‌ها از یک جمعیت پایه اولیه گزینش شده بودند (جدول ۱) با این حال وجود فاصله ژنتیکی قابل ملاحظه بین این ژنوتیپ‌ها بیانگر لزوم توجه به تنوع درون برای گزینش در جوامع فسکیوی بلند است.

در مجموع نتایج این پژوهش نشان داد که ارزیابی کلونی از توانایی بالایی برای تمایز ژنوتیپ‌ها برخوردار بود که می‌تواند در شناسایی سریع ژنوتیپ‌های مناسب مورد استفاده قرار گیرد. همچنین تنوع زیادی بین ژنوتیپ‌های انتخاب شده از جوامع طبیعی فسکیوی بلند وجود داشت که می‌تواند در برنامه های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد. با توجه به اینکه معروف‌ترین روش اصلاحی در فسکیوی بلند، روش تولید رقم ترکیبی می‌باشد، می‌توان ژنوتیپ‌های برتر و دارای فاصله ژنتیکی بیشتر که می‌توانند هتروزیس بیشتری ایجاد نمایند، را برای تولید واریته ترکیبی معرفی کرد. ارزیابی مولکولی ژرم پلاسما مورد مطالعه و تلفیق آن با نتایج این پژوهش، اطلاعات بیشتری در زمینه شناسایی ژنوتیپ‌های مناسب برای توسعه ارقام مناسب در اختیار خواهد گذاشت.



شکل ۱- گروه‌بندی ۵۰ ژنوتیپ فسکیوی بلند ارزیابی شده از طریق آزمون

کلونی طی سال‌های ۱۳۸۸ و ۱۳۸۹

منابع

- 1.Asay, K.H., and Sleper, D.A. 1979. Registration of Missouri-96 tall fescue. Crop Sci. 19:563.
- 2.Bean, E.W. 1972. Clonal evaluation for increased seed production in two species of forage grasses, *Festuca arundinacea* Schreb. and *Phleum pratense* L. Euphytica. 21: 377-383.
- 3.Berdahl, J.D., and Barker, R.E. 1997. Clonal and open pollinated progeny testing in an intermediate wheatgrass population. Crop Sci. 37: 1751-1754.
- 4.Caradus, J.R., and Woodfield, D.R.1990. Estimates of heritability and relationships between root and shoot characters of white clover. I. Replicated clonal material. Euphytica. 46: 203-209.
- 5.De-Araujo, M.R.A., and Coulman, B.E. 2002. Genetic variation, heritability and progeny testing in meadow bromagrass. Plant Breed. 121: 417-427.
- 6.Fang, C., Amlid T.S., Jqrgensen, Q., and Rognil, O.A. 2004. Phenotypic and genotypic variation in seed production traits within a full-sib family of meadow fescue. Plant Breed. 123: 241-246.
- 7.Gibson, D.J., and Newman, J.A. 2001. *Festuca arundinacea* Schreber (*F. Elatior* L. ssp. *arundinacea* (Schreber) Hackel). J. Ecol. 89: 304-324.
- 8.Glenn, W.B., and Devane, E.H. 1953. Estimating heritability in tall fescue from replicated clonal material. Agron. J. 45: 478-481.
- 9.Ha, S.B. 2000. Transgenic tall fescue. In: Bajaj, Y.P.S. (Ed.), Biotechnology in agriculture and forestry. Springer-Verlag, Berlin. Pp 127-146.
- 10.Hallauer, A.R., Carena, M.J., and Miranda Filho, J.B. 2010. Quantitative genetics in maize breeding (Handbook of Plant Breeding). Springer. 500 p.
- 11.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*). Proceeding of the 1th Iranian Forage plants congress, University of Tehran, Tehran. Iran. p 9-11..
- 12.Jafari, A.A. 2002. Determination of genetic distance of 29 accessions of Ryegrass (*Lolium perenne*) based on morphological and forage yield using cluster analysis. Iran J. Range. Plant Breed. Gene Res. 6: 79-101 (In Persian).
- 13.Jafari, A.A., Madah, H., and Abdi, N. 2001. Preliminary Evaluation and effect of maturity and ploidy levels on forage production in 29 accessions of Ryegrass (*Lolium perenne*). Iran J. Range. For Plant Breed. Gene Res. 5: 123-157 (In Persian).
- 14.Kasperbauer, M.J. 1990. Biotechnology in tall fescue improvement. CRC Press, Boca, Raton. 199 P.
- 15.Khayyam-Nekouei, M. 2001. Germplasm collection and molecular detection of endophytic fungi in Iranian tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb). Ph.D thesis, University of Putra, Malaysia.

16. Khayam-Nekouei, M., Mirlohi, A., Naderi-Shahab, M., Meon, S., Ali, A.M., and Napis, S. 2000. Genetic diversity of tall fescue in Iran. Proceeding of the 4th National Congress on Genetics, Gentling Highlands, Malaysia. 68 P.
17. Kolliker, R., Boller, B., and Widmer, F. 2005. Marker assisted polycross breeding to increase diversity and yield in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). *Euphytica* 146: 55-65.
18. 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. Tech. Agric. Natural Resou.* 3: 557-571 (In Persian).
19. Majidi, M.M., Mirlohi, A., and Amini, F. 2009a. Genetic variation, heritability and correlations of agro - morphological traits in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb). *Euphytica*. 167: 323-331.
20. Majidi, M., Mirlohi, A. and Mohammadi, R. 2009b. Assessment of variation, correlation and genetic distance in tall fescue (*Festuca arundinacea* Schreb) accessions. *J. Agric. Sci.* 40: 89-98. (In Persian).
21. Mohammadi, R., Majidi, M.M., Khayamnekoi, M., and Mirlohi, A. 2009a. Genetic variation of clonally propagated tall wheat grass genotypes (*Agropyron elongatum*). *Iran J Field Crop Sci.* 2: 355-364 (In Persian).
22. Mohammadi, R., Khayamnekoi, M., and Mirlohi, A. 2009b. Study of genetic variation and heritability of some quantitative traits in selected genotypes of tall fescue. *Iran J. Range. Plant Breed. Gene Res.* 16: 254-272 (In Persian).
23. 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* Schreb.). *Theor. Appl. Genet.* 110: 323-336.
24. Simonsen, Q. 1976. Genetic variation in diploid and autotetraploid population of *Festuca pratensis*. *Hereditas.* 85: 1-24.
25. Sleper, D.A., and Poehlman, J.M. 2006. *Breeding Field Crops*. 6th edition. Van Nostrand Reinhold Company. New York. 724 p.
26. Vogel, K., and Pederson, J. 1993. Breeding systems for cross-pollinated perennial grasses. *Plant Breed. Rev.* 11: 152-176.
27. Wang, Z., Hopkins, A., and Main, R. 2001. Forage and turfgrass biotechnology. *Crit. Rev. Plant Sci.* 20: 573-619.
28. West, C.P. 1994. Physiology and drought tolerance of endophyte infected grasses. PP.87-99. In: Bacon, C.W. and White, J.F. (Eds.), *Biotechnology of endophytic fungi of grasses*. CRC Press, Boca, Raton.
29. Wilkins, P.W. 1985. Breeding for dry matter yield in perennial ryegrass by wild hybridization and recurrent selection. Proceeding of the 2th EUCARPIA Fodder Crop Meeting. Savalo, Sweden. P: 250.



Gorgan University of Agriculture
Forestry and Natural Resources

J. of Plant Production, Vol. 19(3), 2012

<http://jopp.gau.ac.ir>

Clonal evaluation and estimation of genetic similarity of tall fescue genotypes (*Festuca arundinacea* Schreb)

M. Ebrahimian¹, *M.M. Majidi² and A.F. Mirlohi³

¹M.Sc Student Plant breeding, Isfahan University of Technology, ²Assistant Prof. of Plant breeding, Isfahan University of Technology, ³Professor of Plant breeding, Isfahan University of Technology

Abstract

This study was carried out to investigate genetic variation and similarity of 50 tall fescue genotypes. Plants were clonally propagated and evaluated during 2005 and 2006 for agronomic, phenological and morphological traits using a randomized complete block design with three replications. Results indicated that there were significant differences between genotypes for all of the measured traits indicating a broad genetic diversity in the germplasm. Genotypic coefficient of variability was highest for fresh and dry forage yield and lowest for days to pollination and plant height. The estimates of heritability for measured traits showed that days to pollination and crown diameter had the highest value and can be improved by selection. There was a negative correlation coefficient between dry forage yield and days to pollination and a significantly positive one between dry forage yield with other measured traits (except for flag leaf width) indicating that indirect selection through component of dry matter yield is possible. Applying cluster analysis on the studied attributes, genotypes were characterized in five groups. On this bases the least and the most similar genotypes may be used in the future breeding projects.

Keywords: Tall fescue; Clonal evaluation; Genetic variation; Heritability

*Corresponding author; Email: majidi@cc.iut.ac.ir