

## Genetic Parameters of Some Traits of *Amygdalus scoparia* Using the REML Method

Afagh Tabandeh Saravi<sup>1,\*</sup>, Ahmadraha Ziaee<sup>2</sup> and Babak Enayati<sup>3</sup>

1- Assistant Professor, Department of Natural Resources and Desert Studies, Yazd University, Yazd, Iran

2- Former M.Sc. Student, Department of Natural Resources and Desert Studies, Yazd University, Yazd, Iran

3- Former Ph.D. Student, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

\*Corresponding author ✉: [tabandeh@yazd.ac.ir](mailto:tabandeh@yazd.ac.ir)

**Citation:** Tabandeh Saravi, A., Ziaee, A. and Enayati, B. (2025) Genetic Parameters of some traits of *Amygdalus scoparia* using the REML method. *Plant Genetic Researches*, 11(2): 119-130. <http://dx.doi.org/10.22034/PGR.11.2.8>

(Received: August 10, 2024; Final Revised: October 26, 2024; Accepted: Revised: November 06, 2024; Published online: March 17, 2025)

### Extended abstract

#### Introduction

In most breeding programs, genetic diversity is considered a fundamental principle and condition for selection. In other words, understanding genetic diversity and estimating genetic parameters such as heritability, genetic correlation, and variance components of growth traits is a necessary condition for breeding. Restricted maximum likelihood (REML) is one of the important methods introduced for analyzing data, and it does not have the limitations of variance analysis for unbalanced and heterogeneous data, such as negative estimates, lack of uniqueness in estimates, lack of appropriate distributional properties, and lack of a useful method for comparing different types of estimates. This method maximizes the non-stationary part of the likelihood function and has the advantage of assigning degrees of freedom to the fixed part of the model, which leads to unbiasedness. It can also be implemented on data that have been affected by selection and deletion; While one of the assumptions of variance analysis is that the data obtained must be random. Other applications of this method compared to conventional methods for estimating variance components include directly providing genotypic correlations with greater accuracy. Despite the correct and more precise estimation of genetic parameters with these estimators, this method has been used to estimate heritability and genetic correlation in a limited number of domestic studies. In the present study, the estimation of genetic parameters including genetic correlation and heritability of the *Amygdalus scoparia* variety was carried out by evaluating seedlings obtained from seeds of two populations of this variety in Kerman province using the REML method, so that ultimately, by identifying the structure, diversity, and existing genetic potential, better decisions can be made for the management and improvement of this valuable variety and the production of more desirable seedlings in the study area.

#### Materials and methods

Initially, seeds were collected from 20 randomly selected stands within the studied habitats. The physiological dormancy of almond seeds, an embryonic dormancy, was overcome by wet chilling. Then, the seeds were collected from the mother tree based on a randomized complete block design in three replications and five seedlings in each replication, and were grown to yield seedlings in pots in the research greenhouse of Yazd University under greenhouse conditions. At the end of the first growing season, height of seedling, collar diameter, number of leaves, leaf length, maximum leaf width, number of secondary branches and leaf shape (ratio of leaf length to maximum



©2025 The author(s). This is an open access article distributed under [Creative Commons Attribution 4.0 International License \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source.

leaf width) were measured and recorded. Genetic and environmental variances, genetic correlations and heritability were estimated using the REML method via R software.

## Results and discussion

The results of present study showed that the highest genetic variance was assigned to the leaf number, leaf blade length, and seedling height, respectively, and the highest environmental variance was assigned to the leaf number. Also, the length and maximum width of the leaf blade, followed by the collar diameter and seedling height, had the highest heritability among all traits studied. Heritability analysis revealed the extent to which genetic differences among individuals within a population contribute to variation in a specific trait. This concept examines the extent to which changes in the studied traits depend on their genetics and to what extent they are related to environmental factors and evolutionary history. The extent and speed at which populations are able to adapt also depends on the heritability of quantitative traits. The results also showed that the highest genetic correlation was observed between the leaf number and collar diameter, as well as between maximum width of the blade and seedling height, and then between the collar diameter and seedling height. The main causes of genetic correlation are linkage and gene pleiotropy. Some genes increase or decrease both traits at the same time, and others will increase one trait and decrease the other. Some genes may exert a strong influence on a specific trait while having minimal effects on others, whereas other genes may show the opposite pattern. In the context of selection-induced changes, it is vital to note how modifying one specific trait may simultaneously have an impact on other traits. The more traits are added to the breeding program, the slower the achievement of the intended goals becomes. One advantage of strong correlations between traits is that one trait can be included in the breeding program and the other trait can be improved accordingly. In other words, the correlated response can be exploited to improve different traits simultaneously.

## Conclusion

Finally, considering the high heritability of leaf length and width traits, followed by collar diameter and seedling height in the present study, this diversity can be used at a desirable level to improve the quantity and quality of this valuable species. Also, due to the higher heritability of these traits, if the selection of mother stocks and the production of seedlings for the restoration of forest areas and afforestation in the study area are carried out based on them, we can hope for further improvement and improvement of these areas.

**Keywords:** Progeny test, Mountain almond, Heritability, Genetic correlation



برآورد پارامترهای ژنتیکی برخی صفات بادام کوهی (*Amygdalus scoparia* Spach.) با استفاده از

### روش REML

آفاق تابنده ساروی<sup>۱\*</sup>، احمدرها ضیایی<sup>۲</sup> و بابک عنایتی<sup>۳</sup>

- ۱- استادیار، گروه محیط‌زیست، دانشکده منابع طبیعی و کوبرشناسی، دانشگاه یزد، یزد
- ۲- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، دانشکده منابع طبیعی و کوبرشناسی، دانشگاه یزد، یزد
- ۳- دانش‌آموخته دکتری، گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۵/۲۰؛ تاریخ آخرین ویرایش: ۱۴۰۳/۰۸/۰۵؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۸/۱۶؛ تاریخ انتشار برخط: ۱۴۰۳/۱۲/۲۷)

### چکیده

تحقیق حاضر با هدف برآورد برخی از پارامترهای ژنتیکی گونه بادام کوهی (*Amygdalus scoparia* Spach.) با استفاده از روش REML انجام شد. بدین منظور از میان پایه‌های موجود در رویشگاه بادام کوهی در منطقه زرنند در استان کرمان، ۲۰ پایه به صورت تصادفی و با حداقل ۱۰۰ متر فاصله از هم انتخاب و بذرها به تفکیک پایه جمع‌آوری شد. بذرها پس از اعمال تیمار سرمادهی با حفظ شجره به نهال تبدیل و به صورت گلدانی در گلخانه آموزشی و پژوهشی دانشگاه یزد کاشته شده، مورد مراقبت و آبیاری قرار گرفتند. اندازه‌گیری و ثبت برخی از صفات نهال‌ها در سال اول، جهت ارزیابی ژنتیکی انجام شد. صفات مورد مطالعه شامل ارتفاع، قطر یقه، تعداد شاخه‌های فرعی، تعداد برگ، طول پهنک، حداکثر عرض پهنک و شکل برگ بود. نتایج نشان داد که طول و عرض پهنک برگ و پس از آن قطر یقه و ارتفاع نهال بیشترین میزان وراثت‌پذیری را بین صفات مورد بررسی نشان دادند و بیشترین همبستگی ژنتیکی نیز بین صفات تعداد برگ و قطر یقه، همچنین بین صفات عرض پهنک و ارتفاع نهال و پس از آن بین دو صفت قطر یقه و ارتفاع نهال مشاهده شد. در نهایت با توجه به وراثت‌پذیری‌های بالای صفات طول و عرض برگ و پس از آن قطر یقه و ارتفاع نهال در پژوهش حاضر می‌توان از این تنوع در سطح مطلوبی جهت بهبود کمی و کیفی این گونه ارزشمند استفاده نمود.

**واژگان کلیدی:** آزمون نتاج، بادامک، وراثت‌پذیری، همبستگی ژنتیکی

## مقدمه

بادام کوهی یا بادامک (*Amygdalus scoparia* Spach.) یکی از گیاهان دو لپه‌ای و از تیره گل‌سرخیان می‌باشد که به فرم درخت یا درختچه‌ای، بدون خار با شاخه‌های کوتاه و برگ‌های متناوب و خزان‌کننده با گل‌های سفیدرنگ ظاهر می‌شود. میوه آن از نوع شفت است. این گونه دارای سیستم ریشه‌ای عمودی و قوی می‌باشد که این امکان را به گیاه می‌دهد که حتی در شرایط نامساعد خاک و با رطوبت کم نیز رشد کند. این درخت تقریباً در انواع خاک‌ها رشد می‌کند اما با خاک‌های آهکی سازگارتر است و خاک‌های با رطوبت زیاد و بدون زهکشی را نمی‌پسندد (Emam *et al.*, 2014). این گونه در خاک‌های فقیر به خوبی رشد می‌کند و سازگار به شیب‌های تند است. سیستم ریشه‌ای قوی آن می‌تواند آهک فعال را در خاک تحمل کند. بادام کوهی می‌تواند در فصل زمستان تا ۲۰ درجه سانتی‌گراد زیر صفر را تحمل کند (Saberi *et al.*, 2023). این گونه از گونه‌های با ارزش و مقاوم در برابر تنش‌های محیطی مانند تنش خشکی بوده و در طرح‌های جنگل‌کاری در مناطق خشک و نیمه‌خشک در ایران کاربرد فراوانی دارد (Babaiyan *et al.*, 2019). این در حالی است که خشک‌سالی‌های پی‌درپی و همچنین تغییرات اقلیمی در سال‌های اخیر باعث وضعیت نامناسب اکوسیستم‌های جنگلی شده و از این رو ضرورت استفاده از گونه‌های درختچه‌ای موجب توجه بیشتر به این گونه ارزشمند در برنامه‌های جنگل‌کاری شده است (Jahanbazy Goujani *et al.*, 2013).

در اکثر برنامه‌های به‌نژادی، تنوع ژنتیکی به‌عنوان یک اصل و شرط اساسی برای گزینش محسوب می‌شود. به‌عبارت‌دیگر، شناخت تنوع ژنتیکی بخش مهمی از پروژه‌های به‌نژادی را تشکیل می‌دهد. داشتن اطلاعات در مورد میزان تغییرپذیری ژنتیکی صفات و نیز روابط میان آن‌ها، فرآیند بهبود گیاهان را تسهیل می‌کند. به‌طور معمول، انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب با توجه به عملکرد آن‌ها انجام می‌شود. با این حال، با توجه به پیچیدگی طبیعت صفت عملکرد دانه به دلیل پلی‌ژنیک بودن آن و متأثر شدن از

شرایط محیطی گزینش ژنوتیپ‌های مطلوب بر اساس عملکرد ممکن است گمراه‌کننده باشد و اگر گزینش بر اساس صفاتی صورت گیرد که مستقیم یا غیرمستقیم در عملکرد سهم دارند، به‌مراتب مؤثرتر خواهد بود (Sharifi, 2014).

به‌منظور سنجش و تحلیل ارتباط بین تغییرات دو متغیر، از شاخص همبستگی استفاده می‌شود که نشان‌دهنده شدت یا ضعف و جهت تبعیت تغییرات آن دو متغیر نسبت به یکدیگر می‌باشد. با استفاده از همبستگی ژنتیکی روابط ژنتیکی بین صفات مشخص شده و می‌تواند در انتخاب صفات برای انتخاب مستقیم و غیرمستقیم کمک کننده باشد (Khodadadi *et al.*, 2023). اهمیت دیگر ضرایب همبستگی در بهبود درختان جنگلی در این است که در صورتی که یک صفت در یک گیاه وراثت‌پذیری کمی داشته باشد؛ می‌توان از صفات با وراثت‌پذیری بالاتر که با آن صفت هدف همبسته هستند؛ به‌عنوان معیارهای غیرمستقیم در گزینش برای بهبود صفات اصلی بهره‌مند شد (Chaieb *et al.*, 2011)؛ بنابراین درک کامل وراثت‌پذیری، همبستگی ژنتیکی و مؤلفه‌های واریانس صفات رشدی درختان شرط لازم برای به‌نژادی است. همچنین انجام برنامه‌های اصلاحی در درختان با دوره نونهالی طولانی به هزینه و زمان زیادی نیاز دارد؛ از این رو به‌کارگیری روش‌هایی که موجب کاهش دوره طولانی اصلاح در روش‌های کلاسیک به‌نژادی شود، می‌تواند مفید باشد. یکی از این روش‌ها، بررسی ویژگی‌های ریختی در دوره نونهالی و بررسی همبستگی بین صفات در این مرحله رشدی و مقایسه آن با دوره بلوغ است (Hajnajari *et al.*, 2012).

روش حداکثر درستنمایی محدود شده (Restricted maximum likelihood: REML)، یکی از روش‌های مهمی است که برای تجزیه داده‌ها معرفی شده است و در آن محدودیت‌های تجزیه واریانس برای داده‌های نامتعادل و نامتجانس برطرف شده است. روش تجزیه واریانس دارای کاستی‌هایی از جمله برآوردهای منفی، فقدان یکتایی در برآوردها، نبود خصوصیات توزیعی مناسب و عدم وجود

۳۶ دقیقه و ۷ ثانیه و حدود ارتفاع ۲۲۰۰ متر از سطح دریا قرارگرفته است. میزان بارندگی سالانه در این منطقه ۸۰ میلی‌متر بوده و اقلیم منطقه بر اساس روش دو مارتن خشک و بر اساس اقلیم‌نمای آمبرژه سرد و خشک می‌باشد. با توجه به آمار درصد رطوبت نسبی دوره ۱۰ ساله در ایستگاه زرنند، میانگین رطوبت نسبی سالانه برابر با ۳۹/۲۷۶ می‌باشد. ب- منطقه بنستان در فاصله ۸ کیلومتری شمال شرقی شهرستان زرنند واقع شده است. این منطقه در طول جغرافیایی ۵۶ درجه و ۳۹ دقیقه و ۱۹ ثانیه تا ۵۶ درجه و ۳۹ دقیقه و ۲۷ ثانیه و عرض جغرافیایی ۳۰ درجه و ۵۱ دقیقه و ۵۹ ثانیه تا ۳۰ درجه و ۵۱ دقیقه و ۴۳ ثانیه و حدود ارتفاعی ۲۵۰۰ متر از سطح دریا قرار گرفته است. اقلیم منطقه بنستان با میانگین بارندگی ۱۵۵/۶۳ میلی‌متر، خشک می‌باشد.

**کشت بذور:** ابتدا بذر از رویشگاه‌های مورد مطالعه جمع‌آوری شد به طوری که ۲۰ پایه (۱۰ پایه از منطقه اسفند و ۱۰ پایه از منطقه بنستان) به صورت تصادفی انتخاب و شماره‌گذاری شدند (Tabandeh Saravi and Nadi, 2018) و بذر هر پایه به صورت جداگانه جمع‌آوری شد (موقعیت جغرافیایی هر پایه ثبت و درختان اندازه‌گیری شده علامت‌گذاری شدند). خواب فیزیولوژیکی بذرهای بادام که به علت خواب جنین است به وسیله سرمادهی مرطوب از بین رفت به این ترتیب که بذرها به مدت ۲۴ ساعت در آب خیسانده شدند؛ سپس با محلول هیپوکلرید سدیم ۵ درصد به مدت دو دقیقه ضدعفونی و پس از شستشو با آب مقطر، جهت سرمادهی مرطوب در دمای چهار درجه سانتی‌گراد در یخچال قرار داده شدند (Rouhi and Rafiei, 2014). سپس بذرها به تفکیک درخت مادری بر اساس طرح آزمایشی بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار و در هر تکرار پنج نهال به صورت گلدانی در گلخانه تحقیقاتی دانشگاه یزد تبدیل به نهال شده و مورد مراقبت و آبیاری قرار گرفتند.

پس از پایان فصل رویش سال اول، صفات ارتفاع (cm) به وسیله خط‌کش، قطر یقه (mm) به وسیله کولیس دیجیتال، تعداد برگ، طول برگ (mm) و حداکثر عرض برگ (mm) به وسیله خط-کش، تعداد شاخه‌های فرعی و شکل برگ (نسبت طول برگ به حداکثر عرض برگ) اندازه‌گیری و ثبت شدند.

روشی مفید برای مقایسه انواع برآوردها است. برای جبران کاستی‌های روش تجزیه واریانس، روش حداکثر درستنمایی محدود شده معرفی و مورد استفاده قرار گرفت. REML برای داده‌های نامتعادل توسط پترسون و تامپسون معرفی شد. این روش بخش غیرثابت تابع درستنمایی را حداکثر می‌کند و دارای مزیت اختصاص درجه آزادی به بخش ثابت مدل می‌باشد که موجب ناریبی می‌شود. از مزیت‌های دیگر REML این است که امکان پیاده‌سازی روی داده‌هایی که متأثر از انتخاب و حذف بوده‌اند؛ وجود دارد در حالی که از فرضیات تجزیه واریانس این است که داده‌های اخذ شده باید تصادفی باشند؛ یعنی انتخابی روی افراد این جمعیت‌ها اعمال نشده باشد (Tabandeh Saravi et al., 2021). از دیگر کاربردهای این روش نسبت به روش‌های معمول برای برآورد مؤلفه‌های واریانس، می‌توان به ارائه مستقیم همبستگی‌های ژنوتیپی با دقت بیشتر اشاره کرد. با وجود تخمین درست و دقیق‌تر پارامترهای ژنتیکی با این برآوردها، در تعداد محدودی از پژوهش‌های داخلی، این روش برای برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی استفاده شده است (Astarki et al., 2019). در تحقیق حاضر، برآورد پارامترهای ژنتیکی شامل همبستگی ژنتیکی و وراثت‌پذیری گونه بادام کوهی با ارزیابی نهال‌های حاصل از بذر دو جمعیت از این گونه در استان کرمان با استفاده از روش REML انجام شد تا در نهایت با شناسایی ساختار، تنوع و پتانسیل ژنتیکی موجود، تصمیم‌گیری بهتر جهت مدیریت و اصلاح این گونه ارزشمند و تولید نهال‌های مطلوب‌تر در منطقه مورد مطالعه مقدور گردد.

## مواد و روش‌ها

**موقعیت مکان نمونه‌برداری:** پژوهش حاضر در رویشگاه بادام کوهی در زرنند استان کرمان انجام شد که شامل دو منطقه با مشخصات الف- منطقه اسفند در ۳۰ کیلومتری جنوب غربی شهرستان زرنند در استان کرمان واقع شده است. این منطقه بین طول جغرافیایی ۵۶ درجه و ۲۰ دقیقه و ۴ ثانیه تا ۵۶ درجه و ۲۵ دقیقه و ۵۵ ثانیه و عرض جغرافیایی ۳۰ درجه و ۴۰ دقیقه و ۴۹ ثانیه تا ۳۰ درجه و

این نسبت تبیین فنوتیپ‌ها را توسط ژن‌های انتقال یافته از والدین بیان می‌کند؛ بنابراین قابلیت توارث‌پذیری خصوصی میزان شباهت بین خویشاوندان را تعیین کرده و از آن به‌عنوان معیار ارزیابی روش‌های مختلف انتخاب و اصلاح استفاده می‌شود و در نتیجه در برنامه‌های اصلاحی بیشترین اهمیت را داراست (Tabandeh Saravi, 2017).

$$h^2 = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_P} \quad (\text{رابطه ۵})$$

که در رابطه ۵،  $h^2$  = وراثت‌پذیری خصوصی،  $\sigma^2_P$  = واریانس فنوتیپی و  $\sigma^2_A$  = واریانس ژنتیکی افزایشی است. اگر  $h^2 = 0$  باشد، به این مفهوم است که تفاوت‌های فنوتیپی بین والدین از نظر صفت به‌خصوص، به فرزندان منتقل نمی‌شود و اگر  $h^2 = 1$  باشد، یعنی صد در صد تفاوت‌های فنوتیپی بین والدین به نتاج منتقل می‌گردد (Tabandeh Saravi, 2017).

ارتباط بین دو صفت که می‌توان آن را مستقیماً مشاهده کرد؛ همبستگی ارزش‌های فنوتیپی یا همبستگی فنوتیپی است. همبستگی فنوتیپی از ترکیب عوامل ژنتیکی و محیطی ایجاد می‌شود. یک همبستگی صرف نظر از ماهیت آن، از نسبت کوواریانس مربوط به حاصل ضرب انحراف معیار دو صفت محاسبه می‌شود؛ بنابراین همبستگی ژنتیکی بر پایه شباهت بین خویشاوندان و از طریق رابطه ۶ برآورد شد (Sebbenn *et al.*, 2008):

$$r_G = \text{COV}_{GXY} / \sqrt{V_X \cdot V_Y} \quad (\text{رابطه ۶})$$

که در آن،  $r_G$  همبستگی ژنتیکی،  $\text{COV}_{GXY}$  برابر با کوواریانس ژنتیکی بین دو صفت  $X$  و  $Y$  و  $V_X$  و  $V_Y$  به ترتیب واریانس دو صفت  $X$  و  $Y$  است. واریانس افزایشی طبق روش تخمین در خانواده‌های خواهر و برادر ناتنی از چهار برابر واریانس ژنتیکی برآورد می‌شود (Tabandeh Saravi *et al.*, 2007).

مدل چند صفتی مورد استفاده در تحقیق حاضر به صورت رابطه ۷ بود:

$$y_1 = Xb_1 + Za_1 + e_1 \quad (\text{رابطه ۷})$$

$$y_2 = Xb_2 + Za_2 + e_2$$

$$y_n = Xb_n + Za_n + e_n$$

در معادلات بالا،  $n$  تعداد صفات در آنالیز چند صفتی است (که در پژوهش حاضر برابر هفت صفت بود).

آزمون معنی‌داری اثرات توسط نرم‌افزار R و سایر تجزیه و تحلیل‌ها با استفاده از نرم‌افزار BLUBF90 انجام شد.

روش تجزیه و تحلیل داده‌ها: در پژوهش حاضر از مدل زیر جهت ارزیابی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و برآورد پارامترها استفاده شد:

$$y = Xb + Za + e \quad (\text{رابطه ۱})$$

در رابطه ۱،  $y$  بردار مشاهدات،  $b$  بردار اثرات ثابت،  $a$  بردار اثرات تصادفی ژنوتیپ و  $e$  بردار اثرات باقیمانده تصادفی است.  $X$  و  $Z$  به ترتیب ماتریس‌های ضرایب هستند که رابطه اثرات ثابت، اثرات ژنوتیپ را با رکوردها برقرار می‌کنند. در این مدل  $\text{Var}(y) = ZAZ'\sigma_a^2 + I\sigma_e^2$  و  $\text{Var}(e) = I\sigma_e^2$ ،  $\text{Var}(a) = A\sigma_a^2$  است. برای برآورد همزمان اثرات ثابت و تصادفی از معادلات هندرسون به صورت زیر استفاده شد:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (\text{رابطه ۲})$$

$$R = I\sigma_e^2, G = A\sigma_a^2$$

در رابطه ۲،  $A$  ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی بین افراد،  $\sigma_a^2$  مؤلفه واریانس افزایشی،  $\sigma_e^2$  مؤلفه واریانس باقیمانده و  $I$  ماتریس واحد است.

$$\delta_e^2 = \frac{y'y - \hat{X}'y - a\hat{X}'y}{N - r(X)} \quad (\text{رابطه ۳})$$

در معادله ۳،  $N$  تعداد مشاهدات و  $r(X)$  رتبه ماتریس اثرات ثابت یا ماتریس  $X$  است.

$$SS_a = \hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \text{tr}(A^{-1}C)\delta_e^2 \quad (\text{رابطه ۴})$$

$$\delta_a^2 = \frac{SS_a}{df_a}$$

در معادله ۴،  $SS_a$  مجموع مربعات عامل تصادفی،  $\text{tr}$  مجموع عناصر قطری،  $A^{-1}C$  زیر ماتریسی از معکوس کلی ضرایب مدل مختلط که مربوط به اثرات تصادفی است و  $df_a$  برابر با تعداد عناصر موجود در بردار  $a$  است.

پارامترهای ژنتیکی مورد مطالعه در تحقیق حاضر عبارتند از وراثت‌پذیری خصوصی و همبستگی ژنتیکی. منظور از وراثت‌پذیری یک صفت میزانی از تغییرات کل در آن صفت است که مربوط به عوامل ژنتیکی باشد. برآورد واریانس افزایشی تأثیر مستقیم بر وراثت‌پذیری خصوصی دارد (Rahimi *et al.*, 2023) در واقع نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی به واریانس کل به وراثت‌پذیری خصوصی معروف بوده (رابطه ۵) و نشان می‌دهد که تا چه میزان فنوتیپ‌ها بوسیله ژن‌هایی که از والدین منتقل شده‌اند. به عبارت دیگر

## نتایج و بحث

طول پهنک برگ و ارتفاع نهال و بیشترین واریانس محیطی نیز به صفت تعداد برگ اختصاص یافت. همچنین جدول ۴ نتایج برآورد پارامترهای ژنتیکی با استفاده از روش REML را نشان می‌دهد. نتایج این بخش نشان داد که طول و حداکثر عرض پهنک برگ و پس از آن قطر یقه و ارتفاع نهال بیشترین میزان وراثت‌پذیری را بین صفات مورد بررسی دارند. بیشترین همبستگی ژنتیکی نیز بین صفات تعداد برگ و قطر یقه، همچنین بین صفات حداکثر عرض پهنک و ارتفاع نهال و پس از آن بین دو صفت قطر یقه و ارتفاع نهال مشاهده شد (جدول ۴).

پارامترهای اندازه‌گیری شده در مطالعه حاضر در جدول ۱ ارائه شده است. بر این اساس صفت تعداد برگ بیشترین انحراف معیار و اشتباه معیار را داشت که دامنه بین ۵ تا ۶۳ را شامل شد. صفات تعداد شاخه و قطر یقه نیز کمترین انحراف معیار را نشان دادند.

نتایج برآورد واریانس - کوواریانس‌های ژنتیکی و محیطی به ترتیب در جدول ۲ و ۳ آمده است، که بر اساس آن بالاترین واریانس ژنتیکی به ترتیب به صفات تعداد برگ،

جدول ۱- توصیف داده‌های حاصل از نهال‌های بادام‌کوهی مورد مطالعه

Table 1- Data description obtained for the *Amigdalus scoparia* seedlings

صفات Traits	میانگین Mean	انحراف معیار Standard deviation	مینیمم Minimum	ماکزیمم Maximum	اشتباه معیار Standard error
ارتفاع (cm) Height (cm)	18.084	7.662	3.900	42.000	0.619
قطر یقه (mm) Collar diameter (mm)	2.750	0.361	2.000	3.850	0.029
تعداد برگ Number of leaves	35.542	12.078	5.000	63.000	0.976
طول پهنک (mm) Leaf length (mm)	22.577	6.858	10.666	76.000	0.554
عرض پهنک (mm) Leaf width (mm)	4.300	1.078	2.333	8.333	0.087
تعداد شاخه Number of branches	0.183	0.578	0.000	3.000	0.046
شکل برگ Leaf shape	5.388	1.597	3.210	17.539	0.129

جدول ۲- واریانس (روی قطر) و کوواریانس (زیر قطر) ژنتیکی صفات مورد بررسی نهال‌های بادام‌کوهی

Table 2- Genetic variance (on the diameter) and covariance (below the diameter) of the investigated traits for the *Amigdalus scoparia* seedlings

صفات Traits	ارتفاع Height	قطر یقه Collar diameter	تعداد برگ Number of leaves	طول پهنک Leaf length	عرض پهنک Leaf width	تعداد شاخه Number of branches	شکل برگ Leaf shape
ارتفاع Height	11.090						
قطر یقه Collar diameter	0.404	0.025					
تعداد برگ Number of leaves	5.867	0.473	11.120				
طول پهنک Leaf length	5.213	0.164	-0.034	10.53			
عرض پهنک Leaf width	1.452	0.047	0.396	1.110	0.240		
تعداد شاخه Number of branches	-0.108	-0.009	-0.208	0.161	-0.006	0.018	
شکل برگ Leaf shape	-0.406	-0.004	-0.220	1.319	-0.018	0.042	0.377

جدول ۳- واریانس (روی قطر) و کوواریانس (زیر قطر) محیطی صفات مورد بررسی نهالهای بادام کوهی

Table 3- Environmental variance (on the diameter) and covariance (below the diameter) of the investigated traits for the *Amigdalus scoparia* seedlings

صفات Traits	ارتفاع Height	قطریقه Collar diameter	تعداد برگ Number of leaves	طول پهنک Leaf length	عرض پهنک Leaf width	تعداد شاخه Number of branches	شکل برگ Leaf shape
ارتفاع Height	47.470						
قطریقه Collar diameter	0.073	0.104					
تعداد برگ Number of leaves	56.350	0.635	137.400				
طول پهنک Leaf length	-0.646	0.346	-2.614	29.650			
عرض پهنک Leaf width	-0.889	0.021	-1.065	1.196	0.764		
تعداد شاخه Number of branches	2.908	0.129	2.887	0.322	0.145	0.509	
شکل برگ Leaf shape	0.598	0.040	0.104	5.660	-0.621	-0.041	2.170

جدول ۴- همبستگی محیطی (بالای قطر)، همبستگی ژنتیکی (زیر قطر) و وراثت پذیری (روی قطر) صفات مورد بررسی نهالهای بادام کوهی

Table 4. Environmental correlation (above the diameter), genetic correlation (below the diameter) and heritability (on the diameter) for *Amigdalus scoparia* seedlings traits

صفات Traits	ارتفاع Height	قطریقه Collar diameter	تعداد برگ Number of leaves	طول پهنک Leaf length	عرض پهنک Leaf width	تعداد شاخه Number of branches	شکل برگ Leaf shape
ارتفاع Height	0.189	0.032	0.697	-0.017	-0.147	0.591	0.058
قطریقه Collar diameter	0.766	0.193	0.167	0.197	0.074	0.563	0.084
تعداد برگ Number of leaves	0.528	0.895	0.074	-0.041	-0.103	0.345	0.006
طول پهنک Leaf length	0.482	0.319	-0.003	0.262	0.251	0.083	0.705
عرض پهنک Leaf width	0.889	0.606	0.242	0.697	0.239	0.233	-0.482
تعداد شاخه Number of branches	-0.238	-0.449	-0.459	0.364	-0.098	0.035	-0.039
شکل برگ Leaf shape	-0.198	-0.050	-0.107	0.661	-0.061	0.512	0.148

مرتبط با تغذیه، نقش مؤثری در رشد و تولید درخت و عناصر غذایی دارد؛ بنابراین، برنامه اصلاحی باید ژنتیک صفات را در نظر بگیرد. باین حال، روش های اندازه گیری می تواند به طور جدی پیشرفت برنامه انتخاب اصلاح نژاد را تحت تأثیر قرار دهند (Liu et al., 2021). نشان داده شده است که استفاده از بذرهای اصلاح شده ژنتیکی در مقایسه با ذخایر اصلاح نشده، به دستیابی منافع مالی قابل توجه کمک کرده است (Chang et al., 2019). باین حال، برخلاف محصولات کشاورزی، پرورش گیاهان چوبی به دلیل تأخیر در بلوغ جنسی، اندازه فیزیکی بزرگ درختان و ناهمگونی محل آزمایش، پیچیده تر بوده، زمان طولانی تر

بررسی تنوع ژنتیکی و برآورد پارامترهای ژنتیکی اولین قدم جهت اصلاح جمعیت های طبیعی است. شناسایی فرآیندهای بنیادی تنوع ژنتیکی و مورفولوژیکی بین و درون جمعیت ها، یک مؤلفه اصلی زیست شناسی تکاملی است. درختان جنگلی معمولاً دارای سطوح بالایی از تنوع ژنتیکی هستند (Dewoody et al., 2015). تنوع ژنتیکی در پاسخ درختان به عوامل بیماری زا یک شاخص کلیدی از توانایی یک جمعیت برای سازگاری با تهدیدات در درازمدت است (Ennos, 2015). همچنین انتظار می رود که دوام در صفات کمی (در مقابل کیفی) که توسط ژن های متعدد کنترل می شوند؛ بیشتر باشد (Lindhout, 2002). صفات گیاهی

نیاز دارد و گران‌تر است (Lebedev *et al.*, 2020). اصلاح درختان با استفاده از اصول ژنتیک کمی با هدف توسعه درختان اصلاح‌شده ژنتیکی برای افزایش ارزش اقتصادی یک جنگل ارزشمند دانسته می‌شود (White *et al.*, 2007). در ضمن چنین درختانی می‌توانند زمان رسیدن به اهداف موردنظر برنامه اصلاحی را کاهش دهند و کارایی و قابلیت اطمینان جنگل‌کاری را بهبود بخشند و همچنین رقابت‌پذیری صنعت را افزایش دهند (Stoehr *et al.*, 2004). در پژوهشی که در اسکاندیناوی انجام شد؛ رشد حجمی گونه‌های *Pinus* *Betula pendula* Roth و *Picea abies* L. *sylvestris* L. ۱۰ درصد به ۲۵ درصد نسبت به موارد اصلاح نشده افزایش نشان داد (Jansson *et al.*, 2017). این در حالی است که در بریتیش کلمبیا و کانادا، افزایش حجم برای گونه *Pseudotsuga menziesii* اصلاح شده بین ۲۰ تا ۳۰ درصد بود (Isaac-*et al.*, 2020).  
 وراثت‌پذیری به میزان تنوع یک صفت خاص در یک جمعیت اشاره دارد که به عوامل ژنتیکی نسبت داده می‌شود (Wu *et al.*, 2023). در واقع، وراثت‌پذیری نشان‌دهنده میزان تفاوت‌های ژنتیکی قابل‌توارث در یک ویژگی خاص بین افراد یک جمعیت است. این مفهوم به بررسی اینکه تغییرات در صفات مورد مطالعه تا چه حد به ژنتیک آن‌ها بستگی دارد و تا چه حد به عوامل محیطی و تاریخچه تکاملی مرتبط است؛ می‌پردازد (Griffiths *et al.*, 2015). نتایج برآورد وراثت‌پذیری صفات مورد مطالعه در این تحقیق با استفاده از روش REML مشخص کرد که صفات طول و حداکثر عرض پهنک برگ و پس از آن قطر یقه و ارتفاع نهال بیشترین میزان وراثت‌پذیری را بین صفات مورد بررسی نشان دادند.  
 وراثت‌پذیری معمولاً به صورت عددی از ۰ تا ۱ بیان می‌شود. که مقادیر نزدیک به ۱ نشان‌دهنده تأثیر قوی ژنتیک و مقادیر نزدیک به صفر نشان‌دهنده تأثیر ضعیف ژنتیک روی صفت موردنظر است (Hartl *et al.*, 1998). میزان و سرعتی که جمعیت‌ها قادر به سازگاری هستند نیز به وراثت‌پذیری صفات کمی مانند حساسیت به پاتوژن‌ها و تحمل شرایط محیطی بستگی دارد (McKinney *et al.*, 2011). نتایج پژوهشی در خصوص گونه *Quercus brantii* Lindl حاکی از آن بود که سطح برگ، وزن برگ و محتوای نسبی آب برگ دارای وراثت‌پذیری بالایی بودند (Zolfaghari *et al.*, 2013). همچنین در پژوهشی دیگر که بر روی گونه *Quercus brantii* Lindl در استان گلستان انجام شد؛ بیشترین وراثت‌پذیری مربوط به ارتفاع و قطر بود (Jayawickrama and Ye, 2021). این نتایج با یافته‌های تحقیق حاضر در خصوص بادام‌کوهی هم‌خوانی دارد. همچنین در تحقیقی که با هدف برآورد وراثت‌پذیری بین صفات رویشی و زایشی دو گونه *Prunus elaeagnifolia* و *Prunus scoparia* انجام شد و ۲۰ ژنوتیب از هرگونه و ۲۲ صفت مورد مطالعه قرار گرفت؛ نشان داد که سطوح بالایی از تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی در بین ژنوتیپ‌های هر دو گونه وجود داشت به طوری که در گونه *Prunus scoparia* سطح برگ و در گونه *Prunus elaeagnifolia* نیز طول برگ جزو صفاتی بودند که بیشترین وراثت‌پذیری را نشان دادند (Ansari and Gharaghani, 2019) که با نتایج تحقیق حاضر در خصوص وراثت‌پذیری بالای صفات برگ هم‌خوانی دارد.  
 بر اساس نتایج تحقیق حاضر بیشترین همبستگی ژنتیکی بین صفات تعداد برگ و قطر یقه، همچنین بین صفات عرض پهنک و ارتفاع نهال و پس از آن بین دو صفت قطر یقه و ارتفاع نهال مشاهده شد (جدول ۴). همبستگی ژنتیکی نشان‌دهنده ارتباط بین دو صفت مختلف است که به عوامل ژنتیکی مشترک بستگی دارند. به عبارت دیگر، اگر دو صفت همبستگی ژنتیکی داشته باشند؛ به معنای این است که تغییر در یکی از آن صفات، تغییراتی در صفت دیگر را نیز نشان می‌دهد و در واقع تغییر در یکی از آن‌ها ممکن است باعث تغییر در صفت دیگر شود (Crespel *et al.*, 2024). علل اصلی کوواریانس و همبستگی ژنتیکی، پیوستگی و پلیوتروپی ژن‌ها است. پیوستگی ژن‌ها حالتی است که دو ژن در مکان‌های ژنی نزدیک به هم روی یک کروموزوم قرار دارند و بنابراین با هم به ارث می‌رسند. پلیوتروپی حالتی است که یک ژن در کنترل بیش از یک صفت نقش دارد. بعضی ژن‌ها هر دو صفت را همزمان افزایش یا کاهش می‌دهند و برخی دیگر همزمان با افزایش

نیاز دارد و گران‌تر است (Lebedev *et al.*, 2020). اصلاح درختان با استفاده از اصول ژنتیک کمی با هدف توسعه درختان اصلاح‌شده ژنتیکی برای افزایش ارزش اقتصادی یک جنگل ارزشمند دانسته می‌شود (White *et al.*, 2007). در ضمن چنین درختانی می‌توانند زمان رسیدن به اهداف موردنظر برنامه اصلاحی را کاهش دهند و کارایی و قابلیت اطمینان جنگل‌کاری را بهبود بخشند و همچنین رقابت‌پذیری صنعت را افزایش دهند (Stoehr *et al.*, 2004). در پژوهشی که در اسکاندیناوی انجام شد؛ رشد حجمی گونه‌های *Pinus* *Betula pendula* Roth و *Picea abies* L. *sylvestris* L. ۱۰ درصد به ۲۵ درصد نسبت به موارد اصلاح نشده افزایش نشان داد (Jansson *et al.*, 2017). این در حالی است که در بریتیش کلمبیا و کانادا، افزایش حجم برای گونه *Pseudotsuga menziesii* اصلاح شده بین ۲۰ تا ۳۰ درصد بود (Isaac-*et al.*, 2020).  
 وراثت‌پذیری به میزان تنوع یک صفت خاص در یک جمعیت اشاره دارد که به عوامل ژنتیکی نسبت داده می‌شود (Wu *et al.*, 2023). در واقع، وراثت‌پذیری نشان‌دهنده میزان تفاوت‌های ژنتیکی قابل‌توارث در یک ویژگی خاص بین افراد یک جمعیت است. این مفهوم به بررسی اینکه تغییرات در صفات مورد مطالعه تا چه حد به ژنتیک آن‌ها بستگی دارد و تا چه حد به عوامل محیطی و تاریخچه تکاملی مرتبط است؛ می‌پردازد (Griffiths *et al.*, 2015). نتایج برآورد وراثت‌پذیری صفات مورد مطالعه در این تحقیق با استفاده از روش REML مشخص کرد که صفات طول و حداکثر عرض پهنک برگ و پس از آن قطر یقه و ارتفاع نهال بیشترین میزان وراثت‌پذیری را بین صفات مورد بررسی نشان دادند.  
 وراثت‌پذیری معمولاً به صورت عددی از ۰ تا ۱ بیان می‌شود. که مقادیر نزدیک به ۱ نشان‌دهنده تأثیر قوی ژنتیک و مقادیر نزدیک به صفر نشان‌دهنده تأثیر ضعیف ژنتیک روی صفت موردنظر است (Hartl *et al.*, 1998). میزان و سرعتی که جمعیت‌ها قادر به سازگاری هستند نیز به وراثت‌پذیری صفات کمی مانند حساسیت به پاتوژن‌ها و تحمل شرایط محیطی بستگی دارد (McKinney *et al.*, 2011). نتایج پژوهشی در

ژنتیکی مثبت بین ارتفاع و تعداد شاخه برآورد شد (Jayawickrama and Ye, 2021). هر چه تعداد صفات در برنامه اصلاحی اضافه شود رسیدن به اهداف در نظر گرفته شده کندتر می‌شود. یکی از مزایای وجود همبستگی‌های قوی بین صفات این است که یک صفت می‌تواند در برنامه اصلاحی قرار داده شود و صفت دیگر به تبعیت از آن بهبود یابد. به عبارتی از پاسخ همبسته می‌توان در بهبود همزمان صفات مختلف بهره‌برداری کرد.

در نهایت با توجه به وراثت‌پذیری‌های بالای صفات طول و عرض برگ و پس از آن قطر یقه و ارتفاع نهال در پژوهش حاضر می‌توان از این تنوع در سطح مطلوبی جهت بهبود کمی و کیفی این گونه ارزشمند استفاده نمود. همچنین به دلیل وراثت‌پذیری بیشتر این صفات، اگر گزینش پایه‌های مادری و تولید نهال جهت احیای عرصه‌های جنگلی و جنگل‌کاری در منطقه مورد مطالعه براساس آن‌ها انجام شود؛ می‌توان به ارتقاء و اصلاح بیشتر این عرصه‌ها امیدوار بود.

یک صفت، صفت دیگر را کاهش خواهند داد. برخی ژن‌ها ممکن است آثار بزرگی بر روی یک صفت داشته باشند اما صفت یا صفات دیگر را کمتر متأثر سازند. در حالی که آثار ژن‌های دیگر ممکن است برعکس باشد. در ارتباط با تغییرات ناشی از انتخاب، دانستن اینکه اصلاح یک صفت چه تغییراتی را همزمان در صفات دیگر به وجود می‌آورد، مهم است (Tabandeh Saravi, 2017). در این راستا نتایج همبستگی بین صفات مورفولوژیک گونه بته در منطقه باغ شادی استان یزد نشان داد که در بین برخی از صفات مورد بررسی برگ، همبستگی معنی‌داری وجود داشت (Tabandeh Saravi and Nadi, 2018). همبستگی زیاد بین دو صفت ارتفاع و قطر یقه نیز از جمله مواردی است که در پژوهش‌های متعددی در خصوص درختان جنگلی گزارش شده است (Tabandeh Saravi, Mirhosseini et al., 2020). همچنین (Tabandeh Saravi et al., 2008; et al., 2021). در پژوهشی دیگر که بر روی گونه کاج داگلاس ساحلی (Coastal douglas-fir) انجام شد؛ بیشترین همبستگی

## References

- Ansari, A. and Gharaghani, A. (2019). A comparative study of genetic diversity, heritability and inter-relationships of tree and nut attributes between *Prunus scoparia* and *P. elaeagnifolia* using multivariate statistical analysis. *International Journal of Horticultural Science and Technology*, **6(1)**: 137-150.
- Astarki, H., Sharifi, P. and Sheikh, F. (2019). Evaluation of genetic correlation and heritability of some traits in bean genotypes using restricted maximum likelihood (REML) estimator. *Plant Genetic Researches*, **6(2)**: 111-128 (In Persian).
- Babaiyan, M., Azadfar, D. and Pakparvar, M. (2019). Effect of drought stress induced by polyethylene glycol (PEG-6000) on seed germinating traits of seven provenances of wild almond (*Amygdalus scoparia* Spach.) in the Fars province, Iran. *Iranian Journal of Forest and Poplar Research*, **27(3)**: 288-299 (In Persian).
- Griffiths, A., Doebley, J., Peichel, C. and Wassarman, D. (2015). *Introduction to Genetic Analysis*. W.H Freeman, New York, USA.
- Chaieb, N., González, J.L., López-Mesas, M., Bouslama, M. and Valiente, M. (2011). Polyphenols content and antioxidant capacity of thirteen faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes cultivated in Tunisia. *Food Research International*, **44(4)**: 970-977.
- Chang, W.Y., Wang, S., Gaston, C., Cool, J., An, H. and Thomas, B.R. (2019). Economic evaluations of tree improvement for planted forests: a systematic review. *BioProducts Business*, **4(1)**: 1-14.
- Crespel, A., Lindström, J., Elmer, K.R. and Killen, S.S. (2024). Evolutionary relationships between metabolism and behavior require genetic correlations. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, **379(1896)**: 20220481.
- Dewoody, J., Trewin, H. and Taylor, G. (2015). Genetic and morphological differentiation in *Populus nigra* L.: isolation by colonization or isolation by adaptation? *Molecular Ecology*, **24(11)**: 2641-2655.
- Emam, M., Asadi-Corom, F., Mirzaie-Nodoushan, H., Jaimand, K. and Ghamari-Zare, A. (2014). Investigation of genetic variation of *Amygdalus scoparia* L. genotypes using some morphological, biochemical and seed storage proteins characteristics, *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, **22(1)**: 34-42. (In Persian).
- Ennos, R.A. (2015). Resilience of forests to pathogens: an evolutionary ecology perspective. *Forestry: An International Journal of Forest Research*, **88(1)**: 41-52.

- Hajnajari, H., Chashnidel, B., Vahdati, K., Ebrahimi, M., Nabipour, A. and Fallahi, E.** (2012). Heritability of morphological traits in apple early-ripening full-sib and half-sib offspring and its potential use for assisted selection. *HortScience*, **47(3)**: 328-333.
- Hartl, D.L., Jones, E.W., Hartl, D.L. and Jones, E.W.** (1998). *Genetics: Principles and Analysis*. Gereth Stevns, New York, USA.
- Isaac-Renton, M., Stoehr, M., Statland, C.B. and Woods, J.** (2020). Tree breeding and silviculture: Douglas-fir volume gains with minimal wood quality loss under variable planting densities. *Forest Ecology and Management*, **465**: 118094.
- Jahanbazy Goujani, H., Hosseini Nasr, S.M., Sagheb-Talebi, Kh. and Hojjati, S.M.** (2013). Effect of drought stress induced by altitude, on four wild almond species. *Iranian Journal of Forest and Poplar Research*, **21(2)**: 373-386 (In Persian)
- Jansson, G., Hansen, J.K., Haapanen, M., Kvaalen, H. and Steffenrem, A.** (2017). The genetic and economic gains from forest tree breeding programs in Scandinavia and Finland. *Scandinavian Journal of Forest Research*, **32**: 273-286.
- Jayawickrama, K.J. and Ye, T.Z.** (2021). Heritability and type B genetic correlation estimates for coastal douglas-fir in the US Pacific Northwest: trends and insights from 906 first-generation and second-cycle tests. *Scandinavian Journal of Forest Research*, **36(2-3)**: 83-97.
- Khodadadi, M., Sorkhilalehloo, B., Mortazavian, S.M.M., Abbasi Kohpalekani, J., Bagheri, M. and Karbasi, M.** (2023). Evaluating the genetic diversity of Iranian endemic eggplant accessions for some morphological traits. *Plant Genetic Researches*, **10(1)**: 79-94 (In Persian).
- Lebedev, V.G., Lebedeva, T.N., Chernodubov, A.I. and Shestibratov, K.A.** (2020). Genomic selection for forest tree improvement: methods, achievements and perspectives. *Forests*, **11**: 1-36.
- Lindhout, P.** (2002). The perspectives of polygenic resistance in breeding for durable disease resistance. *Euphytica*, **124**: 217-26.
- Liu, J., Sun, Y., Liu, W., Tan, Z., Jiang, J. and Li, Y.** (2021). Association of spectroscopically determined leaf nutrition related traits and breeding selection in *Sassafras tzumu*. *Plant Methods*, **17**: 1-10.
- McKinney, L.V., Nielsen, L.R., Hansen, J.K. and Kjaer, E.D.** (2011). Presence of natural genetic resistance in *Fraxinus excelsior* (Oleaceae) to *Chalarafraxinea* (Ascomycota): an emerging infectious disease. *Heredity*, **106**: 788-97.
- Mirhosseini, A., Tabandeh Saravi, A., Espahbodi, K. and Enayati, B.** (2020). Estimation of genetic correlation and heritability of characteristics of *Haloxylon persicum* Bge. in the seed orchard of Yazd Province, *Iranian Journal of Forest and Poplar Research*, **27(4)**: 475-484 (In Persian).
- Rahimi, J., Amini, F., Ramshini, H., Abedi, M. and Lotfi, M.** (2023). Estimation of gene action and genetic parameters for morphological traits in F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> and F<sub>3</sub> generations of tomato (*Lycopersicon esculantum* L.). *Plant Genetic Researches*, **9(2)**: 71-82 (In Persian).
- Rouhi, V. and Rafiei, Z.** (2014). Effect of gibberellic acid and scarification on seed germination in four almond species. *Journal of Horticulture Science*, **27(4)**: 424-432 (In Persian).
- Saberi, F., Kiani, B., Omidvar, E., Azimzadeh, H. and Esmailpour, M.** (2023). Evaluating the plantation success by mountain almond (*Amygdalus scoparia* Spach.) and its effects on vegetation and soil in Arjan habitats of Jamal Beyg region, Fars province. *Water and Soil Management and Modeling*, **3(4)**: 227-240 (In Persian).
- Sebbenn, A.M., Arantes, F.C., Boas, O.V. and Freitas, M.L.M.** (2008). Genetic variation in an international provenance-progeny test of *Pinus caribaea* Mor. var. *Bahamensis* Bar. et Gol., in Sao Paulo, Brazil. *Silvae Genetica*, **57**: 181-187.
- Sharifi, P.** (2014). Correlation and path coefficient analysis of yield and yield component in some of broad bean (*Vicia faba* L.) genotypes. *Genetika*, **46(3)**: 905-914.
- Stoehr, M., Webber, J. and Woods, J.** (2004). Protocol for rating seed orchard seed lots in British Columbia: quantifying genetic gain and diversity. *Forestry*, **77**: 297-303.
- Tabandeh Saravi, A.** (2017). *Genetics and Breeding in Forest Trees*. Hagshenas Publications, Rasht, IR (In Persian).
- Tabandeh Saravi, A., Tabari, M., Mirzaei Nadoushan, H. and Espahbodi, K.** (2007). Heritability of some characteristics of *Sorbus torminalis* seedling. *Pakistan Journal of Biological Sciences.*, **10**: 2760-2763.
- Tabandeh Saravi, A., Mirhosseini, A., Espahbodi, K. and Enayati, B.** (2021). Estimation of Genetic Parameters of *Haloxylon ammodendron* by REML Method and Repeatability Model. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, **28(2)**: 252-267 (In Persian).
- Tabandeh Saravi, A. and Nadi, H.** (2018). Effect of elevation and genotype on leaf morphological variation in *Pistacia atlantica* subsp. *mutica* in southern Yazd province forest. *Arid Biome Scientific and Research Journal*, **8(2)**: 15-25 (In Persian).

- Tabandeh Saravi, A., Tabari, M., Espahbodi, K., Mirzaie nodoushan, H. and Enayati, B.** (2008). Phenotypic correlation between selected characters of parent trees and Progenies in wild service tree (*Sorbus torminalis* L.) Crantz. *Asian Journal of Plant Sciences*, **7(6)**: 579-583.
- White, T.L., Adams, W.T. and Neale, D.B.** (2007). *Forest Genetics*. CABI Publishing: UK.
- Zolfaghari, R., Karimi Haji Pomagh, K. and Fayyaz, P.** (2013). Evaluation of genetic variability of some morpho-physiological traits in brant's oak (*Quercus brantii* Lindl.). *Iranian Journal of Rangelands and Forest Plant Breeding and Genetic Research*, **21(1)**: 103-118 (In Persian).
- Wu, D., Shu, M. and Moran, E.V.** (2023). Heritability of plastic trait changes in drought-exposed ponderosa pine seedlings. *Ecosphere*, **14(3)**: 4454.