

■ РЕФЕРАТИ СТАТЕЙ, ОПУБЛІКОВАНИХ В «CYTOLOGY AND GENETICS», № 3, 2020 р.

ISSR BASED STUDY OF FINE FESCUE (*FESTUCA OVINA* L.) HIGHLIGHTED THE HIGH GENETIC DIVERSITY OF IRANIAN ACCESSIONS

REZA MOHAMMADI *, BAHMAN PANAH, SALEH AMIRI

Department of Genomics, Branch for Northwest and West Region, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tabriz 5156915-598, Iran

E-mail: r.mohammadi@abrii.ac.ir *

Festuca species have been used for forage, turf, soil conservation and ornamental purpose, which highlighted the importance of these species. This study was conducted to determine genetic variability among the 48 accessions of fine-leaved fescue from different regions of Iran using ISSR markers. To understand genetic relationships among these accessions, unweight pair-group method (UPGMA) were applied to the ISSR marker data set. The ten ISSR primers amplified in total 189 loci for 48 *Festuca ovina* accessions. All of the amplified loci were polymorphic. A high level of genetic diversity was detected in *Festuca ovina* accessions with an average genetic diversity index of 1.522. The expected heterozygosity (H_e) for the primers varied from 0.153 to 0.347. According to the ISSR data, accessions grouped in two main and seven sub clusters. Results indicated that each of the main clusters include plants that demonstrate Green and Silver phenotypes. Little congruence between the groupings patterns of accessions of *Festuca ovina* based on ISSR markers data and categorization based on phenotypes as a Green and Silver, was observed. In conclusion results revealed the high genetic diversity among *F. ovina* accessions, which can be used for alternative conservation and breeding programs.

Key words: Genetic diversity, ISSR, *Festuca ovina* L.

ВИЯВЛЕННЯ ВЕЛИКОЇ ГЕНЕТИЧНОЇ
РІЗНОМАНІТНОСТІ ІРАНСЬКИХ ІЗОЛЯТІВ
КОСТРИЦІ ОВЕЧОЇ (*FESTUCA OVINA* L.)
ЗА ДОПОМОГОЮ ISSR-АНАЛІЗУ

© REZA MOHAMMADI, BAHMAN PANAH,
SALEH AMIRI, 2020

Festuca species здавна використовують як корм, дерн, засіб для збереження родючості ґрунтів та для декоративних цілей, що підкреслює важливість цього виду. Метою цього дослідження було визначення генетичної різноманітності серед 48 ізолятів тонконогової костриці з різних регіонів Ірану за допомогою ISSR-маркерів. Виявлення генетичних зв'язків між цими ізолятами передбачало застосування методу попарного внутрішньогрупового незваженого середнього (UPGMA) до набору даних щодо ISSR-маркерів. Десять ISSR-праймерів ампліфікували у 189 локусах для 48 ізолятів *Festuca ovina*. Всі ампліфіковані локуси були поліморфними. В ізолятах *Festuca ovina* з середнім індексом генетичної різноманітності в 1,522 було виявлено високий рівень генетичної різноманітності. Очікувана гетерозиготність (H_e) для праймерів перебувала у діапазоні від 0,153 до 0,347. Згідно з ISSR-даними, ізоляти було згруповано у дві основні групи та сім підгруп. Результати демонструють, що кожна з основних груп включала рослини з фенотипами Зелений і Срібний. Було зареєстровано невелику подібність між зразками групування ізолятів *Festuca ovina* на основі даних щодо ISSR-маркерів та категоризації, ґрунтованої на таких фенотипах, як Зелений і Срібний. Зрештою, результати показали велику генетичну різноманітність ізолятів *F. ovina*, які можна використати для альтернативних програм збереження та селекції.

Ключові слова: генетична різноманітність, ISSR, *Festuca ovina* L.

REFERENCES

1. Staneik, D., The genus *Festuca* (*Poaceae: Loliinae*) in Venezuela, *Nord. J. Bot.*, 2003, vol. 23, pp. 191–205.
2. Harberd, D.J., Some observations on natural clones in *Festuca ovina*, *New Phytol.*, 1962, vol. 61, no. 1, pp. 85–100.
3. Weibull, P., Ghatnekar, L., and Bengtsson, B.O., Genetic variation in commercial varieties and natural populations of sheep's fescue, *Festuca ovina* L., *Plant Breed.*, 1991, vol. 107, no. 3, pp. 203–9.
4. Wilkinson, M.J., Stace, C.A., A new taxonomic treatment of the *Festuca ovina* L. Aggregate (*poaceae*) in the British Isles, *Bot. J. Linn. Soc.*, 2010, vol. 106, no. 4, pp. 347–97.

5. Mirhaji, M., Sanadgol, A., and Jafari, A.A., Evaluation of 16 accessions of *Festuca ovina* L. In the nursery of homand-abetes research station, *Desalination.*, 2013, vol. 148, pp. 25–9.
6. Panahi, B., Ghorbanzadeh Naghab, M., Genetic characterization of Iranian safflower (*Carthamus tinctorius*) using inter simple sequence repeats (ISSR) markers, *Phys. Mol. Biol. Plant.*, 2013, vol. 19, no. 2, pp. 239–43.
7. Pirnajmedin, F., Majidi, M.M., Mirlohi, A., and Noroozi, A., Application of EST-derived microsatellite markers for analysis of genetic variation in tall fescue and its comparison with morphological markers, *Biochem. Sys. Ecol.*, 2016, vol. 65, pp. 225–33.
8. Ghorbanzadeh, Naghab, M., and Panahi, B., Molecular characterization of Iranian black cumin (*Nigella sativa* L.) accessions using RAPD marker, *Biotechnologia.*, 2017, vol. 98, no. 2, pp. 97–102.
9. Ivanovych, Y.I., Udovychenko, K.M., Bublyk, M.O., and Volkov, R.A., ISSR-PCR fingerprinting of Ukrainian sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars, *Cytol. Genet.*, 2017, vol. 51, no. 1, pp. 40–7.
10. Campa, A., Ferreira, J.J., Genetic diversity assessed by genotyping by sequencing (GBS) and for phenological traits in blueberry cultivars, *Plos One.*, 2018; vol. 13, no. 10, e0206361. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206361>.
11. Kölliker, R., Boller, B., and Widmer, F., Marker assisted polycross breeding to increase diversity and yield in perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.), *Euphytica.*, 2005, vol. 146, no. 1–2, pp. 55–65.
12. Panahi, B., Afzal, R., Ghorbanzadeh Neghab, M., Mahmoodnia, M., and Paymard, B., Relationship among AFLP, RAPD marker diversity and Agromorphological traits in safflower (*Carthamus tinctorius* L.), *Prog. Biol. Sci.*, 2013, vol. 3, no. 1, pp. 90–9.
13. Xiang Zhang, Q., Shen, Y.K., Shao, R.X., Fang, J., He, Y.Q., Ren, J.X., Zheng, B.S., Chen, and G.J., Genetic diversity of natural *Miscanthus sinensis* populations in China revealed by ISSR markers, *Biochem. Sys. Ecol.*, 2013, vol. 48, pp. 248–56.
14. Chtourou-Ghorbel, N., Mheni, N.B., Elazreg, H., Ghariani, S., Chakroun, M., and Trifi-Farah, N., Genetic diversity in Tunisian perennial forage grasses revealed by inter-simple sequence repeats markers, *Biochem. Sys. Ecol.*, 2016, vol. 66, pp. 154–60.
15. Tiwari, A., Kumar, B., Tiwari, B., Kadam, G.B., and Saha, T.N., Genetic diversity among turf grasses by ISSR markers, *Indian. J. Agri. Sci.*, 2017, vol. 87, no. 2, pp. 251–6.
16. Azizi, H., Sheidai, M., Mozaffarian, V., and Noor-mohammadi, Z., Genetic and morphological diversity in *Tragopogon graminifolius* DC, (*Asteraceae*) in Iran., *Cytol. Genet.*, 2018, vol. 52, no. 1, pp. 75–9.
17. Fjellheim, S., Rognli, O.A., Genetic diversity within and among nordic meadow fescue (*Festuca pratensis* Huds.) cultivars determined on the basis of AFLP markers, *Crop Sci.*, 2005, vol. 45, no. 5, pp. 2081–6.
18. Elazreg, H., Ghariani, S., Chtourou-Ghorbel, N., Chakroun, M., and Trifi-Farah, N., SSRs transferability and genetic diversity of Tunisian *Festuca arundinacea* and *Lolium perenne*, *Biochem. Sys. Ecol.*, 2011, vol. 39, no. 2, pp. 79–87.
19. Rohlf, F.J., NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1. 2000. Exeter Publishing Setauket, New York.
20. Peakall, R., and Smouse, P.E., Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research, *Mol. Ecol. Notes.*, 2006, vol. 6, no. 1, pp. 288–95.
21. Mahmoudi, B., Panahi, B., Mohammadi, S.A., Daliri, M., and Babayev, M.S., Microsatellite based phylogeny and bottleneck studies of Iranian indigenous goat populations, *Anim. Biotech.*, 2014, vol. 25, no. 3, pp. 210–22.
22. Majidi, M.M., Mirlohi, A.F., and Sayed-Tabatabaei, B.E., AFLP analyses of genetic variation in Iranian fescue accessions, *Pak. J. Biol. Sci.*, 2006, vol. 9, pp. 1869–76.

Received September 26, 2018

Received February 13, 2019

Accepted May 18, 2020