

## تجزیه ژنتیکی شیرینی میوه در خربزه و طالبی بومی ایران به کمک تلاقی دای آلل کامل

محمود رقامی<sup>۱\*</sup>، محمدرضا حسندخت<sup>۲</sup>، ذبیح‌الله زمانی<sup>۳</sup>، محمدرضا فتاحی مقدم<sup>۴</sup>، عبدالکریم کاشی<sup>۳</sup>۱- استادیار گروه علوم باغبانی دانشگاه ولیعصر رفسنجان. <sup>۲،۳</sup> به ترتیب دانشیاران و استادان دانشگاه تهران.

\*نویسنده مسئول: mraghami@vru.ac.ir

## چکیده

برای برآورد نوع عمل ژن، وراثت‌پذیری، قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و رابطه بین آن‌ها و دیگر پارامترهای ژنتیکی صفت درصد قند میوه هفت توده بومی ایرانی شامل 'تاشکندی'، 'خاتونی'، 'میرپنجی'، 'سوسکی سبز'، 'گرمک'، 'گلپایگان' و 'آران' در یک طرح دای آلل کامل تلاقی داده شدند. پس از انجام تلاقی‌ها در سال نخست، در سال دوم مواد ژنتیکی شامل ۲۱ تلاقی مستقیم، ۲۱ تلاقی معکوس و هفت حالت تلاقی خودگشتی به همراه والد‌ها جهت ارزیابی صفت مورد نظر کشت شدند. از آنجایی که در ملون‌ها میزان مواد جامد محلول معادل شیرینی میوه در نظر گرفته می‌شود، برای ارزیابی قند میوه میزان مواد جامد محلول در میوه‌های رسیده اندازه‌گیری شد. تجزیه ژنتیکی به روش هیمن-جینکز انجام شد. تجزیه واریانس تفاوت معنی‌دار زیادی میان مقادیر میانگین هیبریدهای  $F_1$  و هفت والد برای صفت درصد قند میوه نشان داد. برآورد میانگین درجه غالبیت نشان داد که صفت درصد قند میوه به وسیله ژن‌هایی با اثر فوق‌غالبیت کنترل می‌شود. برای تجزیه ترکیب‌پذیری روش نخست گریفینگ به کار گرفته شد. میانگین مربعات ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی تفاوت معنی‌داری نشان داد. توده 'تاشکندی' در صفت درصد قند میوه بیشترین قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی را دارا بود و بیشترین قابلیت ترکیب‌پذیری خصوصی برای این صفت در ترکیب تلاقی 'تاشکندی' × 'میرپنجی' دیده شد. مقدار وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برای درصد قند میوه به ترتیب ۰/۷۹ و ۰/۳۴ برآورد گردید که نشان می‌دهد اثرات محیطی و غالبیت در کنترل این صفت نقش زیادی دارند. بنابراین گزینش برای افزایش قند میوه در نسل‌های نخست بهبود زیادی در افزایش شیرینی نخواهد داشت.

**کلمات کلیدی:** ترکیب‌پذیری، روش هیمن-جینکز، غالبیت، وراثت‌پذیری،  $F_1$

## مقدمه

انواع خربزه و طالبی که گروه‌های گوناگون گونه *Cucumis melo* را تشکیل می‌دهند، از دیرباز تاکنون از محصولات مهم کشاورزی ایران بوده است. ایران با سطح زیر کشت حدود ۸۲۰۰۰ هکتار و تولید ۱/۴۵ میلیون تن در سال ۲۰۱۲ سومین تولیدکننده عمده دنیا بوده است (FAOSTAT, 2012). میزان قند میوه غالباً مترادف با مواد جامد محلول در نظر گرفته می‌شود و میزان بالای مواد جامد محلول معادل شیرینی بیشتر میوه است (Baldwin, 2002). در ملون‌ها نه تنها این پارامتر با شیرینی همبستگی مثبتی دارد، بلکه با طعم میوه نیز همبستگی نشان می‌دهد (Albuquerque, 2006). بنابراین این صفت مهم‌ترین شاخص کیفیت میوه نیز محسوب می‌شود. خربزه و طالبی گیاهانی دگرگشن بوده و با هم تلاقی می‌یابند. با آگاهی از وراثت‌پذیری یک صفت می‌توان میزان پاسخ به گزینش را که اساسی‌ترین معیار به‌نژادی است، برآورد نمود. وقتی وراثت‌پذیری صفتی بالا باشد، گزینش آسان و با وراثت‌پذیری پایین عمل گزینش مشکل است. در برنامه‌های دورگ‌گیری، انتخاب و تشخیص اینکه کدام یک از والدین دارای قدرت انتقال ژن‌های مطلوب هستند از موارد بسیار مهم است (اهدایی، ۱۳۸۷). چنین اطلاعاتی از طریق تجزیه‌های ژنتیک کمی مانند تلاقی‌های دای آلل به دست می‌آید. تلاقی‌های دای آلل از متداول‌ترین روش‌های تلاقی برای برآورد پارامترهای

ژنتیکی و قدرت ترکیب‌پذیری والدین است. پژوهش حاضر برای تعیین وراثت‌پذیری و نحوه عمل ژن‌ها و بررسی قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برای صفت شیرینی میوه در چند توده خربزه و طالبی ایرانی به‌روش تجزیه دای آلل انجام شد.

## مواد و روش‌ها

این آزمایش در مرکز تحقیقات گروه علوم باغبانی دانشگاه تهران اجرا شد که در آن ۷ توده ایرانی شامل چهار توده از گروه اینودوروس<sup>۱</sup> (سوسکی سبز، تاشکندی، خاتونی و میربنجی) و دو توده از گروه کانتالوپنسیس<sup>۲</sup> (گلپایگان و آران ۱) و یک توده از گروه رتیکولاتوس<sup>۳</sup> (گرمک کرمان) در یک طرح دای آلل کامل تلاقی داده شدند (گروه‌بندی توده‌های این پژوهش بر اساس گروه‌های ملون ایرانی توصیف شده توسط Raghmi *et al.* (2014) انجام شده است). در سال نخست تلاقی‌های دای آلل انجام شد و در سال بعد تلاقی‌های بدست آمده شامل ۴۹ ترکیب (۲۱ تلاقی مستقیم و ۲۱ تلاقی معکوس) به همراه هفت والد، در یک طرح آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار جهت ارزیابی صفات مورد نظر کشت شد. برای ارزیابی قند میوه از اندازه‌گیری مواد جامد محلول در میوه‌های رسیده، به‌وسیله دستگاه رفرکتومتر استفاده شد و بر حسب درجه بریکس (/) به‌عنوان درصد قند میوه یادداشت شد. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها به‌روش LSD با نرم‌افزار SAS انجام شد و با توجه به وجود تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها، تجزیه واریانس دای آلل به دو روش جینکز و هیمن (۱۹۵۳) و گریفینگ (۱۹۵۶) انجام گرفت. به منظور تجزیه واریانس بر اساس روش جینکز و هیمن نخست برقرار بودن فرضیات مدل با استفاده از نرم‌افزارهای Excel و SPSS بررسی گردید. سپس پارامترهای ژنتیکی از قبیل درجه غالبیت، تعداد ژن‌های کنترل‌کننده صفت، فراوانی آلل‌های مثبت و منفی، اثرات مادری و وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی صفات با بهره‌گیری از نرم‌افزار Dial98 (Ukai, 1998) برآورد شد. در تجزیه به روش گریفینگ تجزیه واریانس برای قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی و اثرات مادری بر اساس روش اول-مدل اول گریفینگ با استفاده از برنامه DIALLEL-SAS05 (ژانگ و همکاران، ۲۰۰۵) به‌دست آمد. وراثت‌پذیری عمومی ( $h^2_b$ ) و وراثت‌پذیری خصوصی ( $h^2_n$ ) با استفاده از فرمول‌های زیر محاسبه شدند. در این فرمول‌ها  $\dagger_A^2$  واریانس افزایشی،  $\dagger_D^2$  واریانس غالبیت،  $\dagger_E^2$  واریانس خطا و  $r$  تعداد تکرار است.

$$h_b^2 = \frac{\dagger_A^2 + \dagger_D^2}{\dagger_A^2 + \dagger_D^2 + \frac{\dagger_E^2}{r}}$$

$$h_n^2 = \frac{\dagger_A^2}{\dagger_A^2 + \dagger_D^2 + \frac{\dagger_E^2}{r}}$$

برای تعیین سهم واریانس افزایشی در کنترل ژنتیکی صفات نسبت GCA:SCA (نسبت بیکر) از رابطه  $\frac{2\sigma^2_g}{2\sigma^2_g + \sigma^2_s}$  محاسبه شد. این رابطه نشان می‌دهد که چه میزان از واریانس مشاهده‌شده با اثرات افزایشی و چه میزان با اثرات غالبیت کنترل می‌شود (Backer, 1978).

## نتایج و بحث

میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها برای صفت درصد قند میوه معنی‌دار بود که نشانگر وجود تنوع کافی برای بررسی‌های ژنتیکی است. بنابراین امکان تجزیه‌های ژنتیکی بر اساس طرح تلاقی دای آلل وجود داشت. برقرار بودن فرضیه‌های مدل جینکز و هیمن بررسی شد و آزمون مقدماتی نشان داد که برای صفت درصد قند میوه فرضیات لازم برای تجزیه بر اساس روش جینکز و هیمن برآورده شده است. نتایج تجزیه واریانس برای این صفت نشانگر معنی‌دار بودن تفاوت ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال یک‌درصد بود. در بین

<sup>1</sup> inodorus

<sup>2</sup> cantalupensis

<sup>3</sup> reticulatus

والدها 'تاشکندی' با مقدار مواد جامد محلول برابر با ۹/۱۷ درصد شیرین ترین و 'گرمک' با ۵/۷۳ درصد کمترین شیرینی میوه را دارا بود. در میان تلاقی‌ها نیز دورگ 'تاشکندی × سوسکی سبز' با مقدار ۱۱/۷۰ درصد شیرین ترین میوه‌ها را داشت و دورگ 'گلپایگان × میرپنجی' با ۵/۶۱ درصد کم شیرین ترین میوه‌ها را تولید نمود.

تجزیه ترکیب پذیری والدها نشان داد که قابلیت ترکیب پذیری عمومی و خصوصی و نیز اثرات مادری معنی دار بود. نسبت GCA:SCA برابر ۰/۸۹ بود که نشانگر اهمیت بیشتر اثرات افزایشی نسبت به اثرات غالبیت در کنترل این صفت بود (جدول ۲). در میان والدها توده‌های 'تاشکندی'، 'آران ۱' و 'خاتونی' قابلیت ترکیب پذیری مثبت و معنی دار برای افزایش شیرینی داشتند و 'تاشکندی' با قابلیت ترکیب پذیری عمومی ۱/۳۵ بیشترین مقدار قابلیت ترکیب پذیری عمومی را داشت. توده‌های 'گرمک'، 'گلپایگان'، 'میرپنجی' و 'سوسکی سبز' نیز قابلیت ترکیب پذیری منفی برای افزایش شیرینی در تلاقی‌ها نشان دادند که در این میان 'گرمک' با مقدار ۰/۶۹ - کمترین قابلیت ترکیب پذیری عمومی را نشان داد. بیشترین قابلیت ترکیب پذیری خصوصی در تلاقی 'تاشکندی × میرپنجی' (۲/۲۷) مشاهده شد.

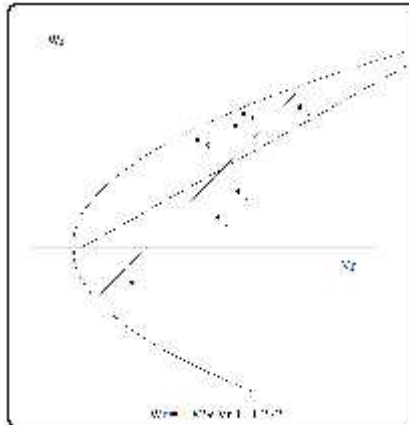
جدول ۲. تجزیه ترکیب پذیری، نسبت GCA:SCA و مقادیر وراثت پذیری برای صفات اندازه گیری شده بر اساس روش نخست گریفینگ

منابع تغییرات	تکرار	ژنوتیپ	GC <sup>††</sup> <sub>A</sub>	SCA	REC	خطا	<sup>2</sup> g	<sup>2</sup> s	<sup>2</sup> r	GCA: SCA	$h^2_b$	$h^2_n$
درجه آزادی	۳	۴۸	۶	۲۱	۲۱	۹۶						
درصد قند میوه	۱/۴۷۲*	۶/۸۰**	۰/۷۱**	۵/۵۶**	۲/۰۴**	۳/۱۴	۰/۸۸	۰/۲۲۹	۰/۰۰	۰/۸۹	۰/۷۹	۰/۳۴

\* و \*\* به ترتیب نشانگر تفاوت معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد، <sup>††</sup>(gca): تنوع ناشی از قابلیت ترکیب پذیری عمومی، (sca): تنوع ناشی از قابلیت ترکیب پذیری خصوصی. (Rec): تنوع بین تلاقی‌های متقابل، (error): تنوع خطا که معادل اثر متقابل بین تلاقی‌های متقابل و ژنوتیپ‌هاست.

در روش گریفینگ وراثت پذیری عمومی ۰/۷۹ و وراثت پذیری خصوصی ۰/۳۴ برآورد گردید (جدول ۲) که نشان می‌دهد اثرات محیطی و غالبیت در کنترل این صفت نقش زیادی دارند. بنابراین گزینش برای افزایش شیرینی در نسل‌های نخست بهبود زیادی در افزایش شیرینی نخواهد داشت. میزان وراثت پذیری خصوصی این صفت پیش از این در گزارشی ۰/۶۶ برآورد شد (Kalb and Davis, 1984) که بیشتر از برآورد پژوهش حاضر بود. در گزارشی دیگر که روی توده‌های ایرانی خربزه انجام شد، این پارامترها ۰/۵۷ برای وراثت پذیری عمومی و ۰/۱۳ برای وراثت پذیری خصوصی برآورد شدند (Feyzian et al., 2009).

با توجه به موقعیت خط رگرسیون در تحلیل گرافیکی و با توجه به این که D HI است، صفت درصد قند میوه با اثر فوق غالبیت زن‌ها کنترل می‌شود. پراکندگی والدها در طول خط رگرسیون نشان داد که 'آران ۱' نزدیک ترین والد به محل قطع خط رگرسیون با محور Wr بود، بنابراین بیشترین ژن‌های غالب را داشت. توده 'خاتونی' نیز در دورترین نقطه از محل قطع خط رگرسیون قرار گرفت که نشان داد دارای بیشترین ژن‌های مغلوب بود (شکل ۱).



شکل ۱. خط رگرسیون  $Wr$  روی  $Vr$  و سهمی محدود کننده همراه با پراکنش والد‌ها (۱. تاشکندی، ۲. خاتونی، ۳. گرمک، ۴. آران ۱، ۵. میرینجی، ۶. سوسکی سبز، ۷. گلپایگان) در طول خط رگرسیون برای صفت درصد قند میوه

## منابع

۱. اهدائی، ب. ۱۳۸۷. اصلاح نباتات. انتشارات دانشگاه تهران. ۴۵۳ص.
2. Albuquerque, B., Lidon, FC. and Graca Barreiro, M. 2006. A case study on the flavor properties of melon (*Cucumis melo* L.) cultivars. *Fruits*. 61: 333-339.
3. Baldwin, E. Flavour. In: Gross, KC., Wang CY. and Salviet, ME. (Editors). 2002. The commercial storage of fruits, vegetables and florist and nursery stocks. *Agricultural Handbook*. No. 66. Washington, USA.
4. Backer, RJ. 1978. Issues in diallel analysis. *Crop Science*. 18: 533-536.
5. F.A.O. 2012. FAOSTAT Agricultural Database. <http://apps.fao.org>
6. Feyzian, E., Dehghani, H., Rezai AM. and Jalali Javaran, M. 2009. Diallel cross analysis for maturity and yield-related traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Euphytica*. 168:215-223.
7. Griffing, B. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*. 10: 31- 50.
8. Jinks, JL. and Hayman, BI. 1953. The analysis of diallel crosses. *Maize Genetic Cooperation News*. 27: 48-54.
9. Kalb, TJ. and Davis, DW. 1984. Evaluation of combining ability, heterosis and genetic variance for yield, maturity and plant characteristics in bush muskmelon. *J. of Amer. Soc. for Hort. Sci.* 109 (3): 416- 419.
10. Raghmi, M., Lopez-Sese, AI., Hasandokht, RM., Zamani, Z., Fattahi Moghadam MR. and Kashi, A. 2014. Genetic diversity among melon accessions from Iran and their relationships with melon germplasm of diverse origins using microsatellite markers. 300: 139-151.
11. Ukai Y. 1998. DIAL programs for analysis of full and half diallel table. Biometrics Laboratory, Graduate School of Agricultural Life Science. The University of Tokyo, Japan.
12. Zhang, Y., Kang MS. and Lamkey, KR. 2005. DIALLEL-SAS05: A comprehensive program for Griffing's and Gardner-Eberhart analyses. *Agronomy Journal*. 97:1097-1106.

## Genetic Analysis of Fruit Sweetness in Iranian Melon (*Cucumis melo*) by complete-diallel Crosses

Mahmoud Raghmi<sup>1\*</sup>, Mohamad Reza Hasandokht<sup>2</sup>, Zabihollah Zamani<sup>2</sup>, Mohamad Reza Fattahi Moghadam<sup>2</sup>, Abdolkarim Kashi<sup>2</sup>

1- Dept. of Horticultural Sciences, Vali-E-Asr University of Rafsanjan. 2- Dept. of Horticultural Sciences, University of Tehran, Iran.

\*Corresponding author: mraghami@vru.ac.ir



## Abstract

In order to estimation of general and specific combining ability, relationships between them, heritability and the other breeding values for trait of sugar fruit percent in seven Iranian melon populations namely 'Tashkandi', 'Khatouni', 'Garmak', 'Aran1', 'Mirpanji', 'Suski-e-Sabz' and 'Golpaygan' were crossed in a complete diallel design. After crossing in the first year, genetic materials consisting 21 direct and 21 reciprocal crosses and 7 selfing crosses along with parents were cultured in second year to evaluate sugar fruit percent. Since, TSS values is considered equivalent to the fruit sweetness in melon, TSS was measured for evaluation of fruit sugar percent. Genetic analysis was carried out by Hayman-Jinks's approach. Analysis of variance revealed high significant differences among all the F1 hybrid means and among their respective seven parental values for percent of fruit sugar. Estimation of average degree of dominance showed that this trait controlled by genes with over dominant effect. Griffing's method 1 was used for analysis of combining ability. Mean squares of general and specific combining ability effects showed high significant differences for the studied trait. The highest general combining ability effects for percent of fruit sugar was observed in 'Tashkandi' and highest specific combining ability values recorded for combination cross of 'Tashkandi'×'Mirpanji'. Estimation of broad and narrow sense heritability values for percent of fruit sugar were 0.79 and 0.34 respectively, indicating great role of environmental and dominant effects in controlling of this trait. Therefore, selection for increasing in fruit sugar in first generations, will have not improved fruit sweetness.

**Key words:** Combining ability; Dominance; F<sub>1</sub>; Hayman-Jinks approach; Heritability

