

بررسی تنوع ژنتیکی تعدادی از لاین‌های خیار

داریوش رمضان^۱، فاطمه مرادی پور*^۲، جمالعلی الفتی^۳، بهمن زاهدی^۴

^۱ استادیار گروه علوم باغبانی دانشگاه زابل

^۲ دانشجوی دکترا علوم باغبانی پردیس دانشگاهی دانشگاه گیلان

^۳ استادیار گروه علوم باغبانی دانشگاه گیلان

^۴ استادیار گروه علوم باغبانی دانشگاه لرستان

*نویسنده مسئول: moradipour21@gmail.com

چکیده

خیار یکی از مهم‌ترین محصولات کشاورزی از نظر سطح زیر کشت و اهمیت اقتصادی است. تولید بذر هیبرید در این گیاه اهمیت فراوانی دارد. شناخت ترکیبات والدینی برتر یکی از مهم‌ترین مراحل در برنامه‌های اصلاحی تولید بذر هیبرید است. در کشور ما به دلیل عدم شناخت کافی از ژرم پلاسما گیاهان باغی برنامه‌های اصلاحی مناسبی روی بسیاری از محصولات باغی خصوصاً خیار انجام نشده است. هدف این تحقیق، گروه‌بندی ژنوتیپ‌های خیار، براساس صفات مورفولوژیکی و تعیین فواصل ژنتیکی آن‌ها می‌باشد. به همین منظور، ۲۵ لاین خیار برای صفت مورفولوژیکی با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای مورد ارزیابی قرار گرفتند. در تجزیه خوشه‌ای از روش حداقل واریانس وارد (ward) برای گروه‌بندی کل لاین‌ها استفاده شد. بر اساس نتایج به دست آمده از تجزیه خوشه‌ای کل لاین‌ها در هفت گروه مجزا جا گرفتند. لاین‌های D6، D9، C7 و C11 جزء لاین‌های تیپ تازه خوری هستند. لاین C4 با تولید (۱۳ میوه در بوته) بیشترین عملکرد در بوته را داشت. لاین C11 با (۶۵ روز) بیشترین زمان تا ظهور اولین گل ماده را دارا بود و لاین C8 (۳۸ روز) کمترین زمان تا ظهور اولین گل ماده را دارا بود. لاین C1 کمترین سطح برگ (۲۵/۵ سانتیمتر مربع) و وزن خشک برگ (۲۲/۰ گرم) را دارا بود و لاین D2 با (۲۰۰/۲۵ سانتیمتر مربع) بیشترین سطح برگ و وزن خشک برگ (۴/۰۸ گرم) را دارا بود. لاین C6 (۱۸۰ سانتی‌متر) بیشترین طول بوته را دارا بود. که این نتایج حاکی از تنوع ژنتیکی زیاد بین لاین‌های مورد بررسی بود که از این تنوع جهت هتروزیس و انتخاب والدین مناسب در برنامه‌های تلاقی به‌منظور تولید ارقامی با صفات مطلوب می‌توان استفاده نمود.

کلمات کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تنوع ژنتیکی، اصلاح خیار

مقدمه

خیار یکی از محصولات مهم باغبانی در بخش سبزی‌کاری است، که به‌منظور تازه‌خوری و فرآوری کشت می‌شود. کشور ما ایران از لحاظ تولید این محصول جایگاه دوم جهان را دارا است. سطح زیر کشت خیار در ایران بر اساس گزارش (FAO, 2013) ۷۵ هزار هکتار، تولید آن ۱۸۱۲ هزار تن و متوسط عملکرد آن ۲۴ تن در هکتار می‌باشد. با توجه به سطح زیر کشت وسیع این محصول و توان بالقوه تولید این محصول در کشور، تحقیقات به‌نژادی کمی در رابطه با اصلاح خیار صورت گرفته است و ما سالانه بذر مورد نیازمان را از کشورهای دیگر تأمین می‌کنیم، بنابراین لازم است که در زمینه اصلاح این گیاه اقدامات عملی و کاربردی مفیدی صورت پذیرد. بررسی میزان تنوع ژنتیکی به‌عنوان یکی از گام‌های پایه‌ای و اساسی در نگهداری و حفاظت مواد ژنتیکی و اجرای برنامه‌های به‌نژادی است. بدیهی است که داشتن اطلاعات کامل از میزان تنوع ژنتیکی، قدم اول در مدیریت مؤثر منابع ژنتیکی و ذخایر توارثی گیاهان می‌باشد و با فهم ساختار ژنتیکی بین گونه‌های مختلف، اصلاحگران قادر به شناسایی و بهره‌برداری بهتر از تنوع در برنامه‌های

اصلاحی خواهند بود (Rahai, 2003). اولین گام در شناسایی ژنوتیپ‌های مختلف یک گونه، شناسایی مورفولوژیک آن‌ها است. زیرا این ویژگی‌ها به راحتی قابل اندازه‌گیری بوده و کاربرد عملی فراوانی دارند (Razave, 1998). تنوع مورفولوژیک، حاصل تنوع ژنتیکی یک گیاه در ارتباط با اثرات متقابل ژنتیک و شرایط محیطی است که گیاه در آن رشد می‌کند و این تنوع یک راهنما جهت مطالعه تنوع ژنتیکی است هر چند که به‌طور مطلق نمی‌توان بر این موضوع پافشاری نمود (Shikhali, 2002). بررسی تنوع ژنتیکی در خیار توسط محققان دیگری (Rajiv-Krishna *et al.*, 2011; Chi Zhang *et al.*, 2012; Aliabadi *et al.*, 2012; Golabadi *et al.*, 2012; keshavarz *et al.*, 2006) انجام شد.

در این تحقیق، سعی شده با مطالعه ژنوتیپ‌های مختلف خیار، میزان تنوع ژنتیکی آن‌ها از لحاظ صفات کمی و کیفی بررسی گردد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در این مطالعه ۲۵ لاین اینبرد خیار بودند که از مرکز آسیایی تحقیقات و اصلاح سبزیجات در سن‌هوا، تایوان (AVRDA) تهیه و برای تسهیل در نامگذاری لاین‌ها و ارزیابی بهتر به هر کدام از لاین‌ها یک کد داده شد.

بذور لاین‌های مختلف به روش کشت مستقیم به‌صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی در تاریخ ۹۴/۱/۲۰ در مزرعه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه لرستان کاشته شد. سپس بذره‌های جوانه‌زده به روش کشت کپه‌ای کشت شد. در طی مرحله داشت عملیاتی از قبیل آبیاری بوته‌ها، مبارزه با علف‌های هرز، آفات و بیماری‌ها صورت گرفت. در طی رشد صفات مختلف بر طبق دستورالعمل ملی آزمون‌های تمایز، یکنواختی و پایداری در خیار تهیه شده توسط موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال ثبت شدند (Sadeghi *et al.*, 2003). این صفات عبارت‌اند از طول پانزده میانگره اول، سطح برگ، طول میوه، تعداد شاخه جانبی، طول پاره‌نک انتهایی، عرض پاره‌نک انتهایی و طول دم میوه بود. برای انجام تجزیه خوشه‌ای از روش حداقل واریانس وارد (ward) با معیار فاصله اقلیدسی روی داده‌ها با کمک نرم‌افزار SPSS استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس اختلاف معنی‌داری را در سطح احتمال یک درصد بین ژنوتیپ‌ها از نظر کلیه صفات کمی اندازه‌گیری شده نشان داد (جدول ۲). بر اساس نتایج حاصل از مقایسه میانگین (جدول ۳) بین صفات مختلف، لاین C4 بیشترین عملکرد متوسط هر بوته را دارا بود (۱۳ میوه در هر بوته). لاین‌های C6 و C13 بیشترین طول بوته (۱۸۵ سانتیمتر) و بیشترین تعداد شاخه فرعی (۱۳) را دارا بودند. بنابراین این لاین‌ها با توجه به رشد رویشی بالای آن‌ها که باعث ایجاد سطح فتوسنتز کننده بیشتر شده و همچنین تولید میوه بیشتر روی شاخه‌های فرعی می‌توانند عملکرد بیشتری تولید کنند (Rajiv-Krishna *et al.*, 2011; Golabadi *et al.*, 2012). از نظر زودرسی و زمان ظهور اولین گل ماده، لاین C8 نسبت به سایر لاین‌ها زودرس‌تر بود و لاین‌های C11 و D9 دیر گل‌تر از سایر لاین‌ها بودند. از نظر سطح برگ و وزن خشک برگ، لاین D2 با ۲۰۰/۲۷ سانتی‌متر مربع و ۴/۰۹ گرم به ترتیب بیشترین سطح برگ و وزن خشک برگ را دارا بود. لاین D15 بیشترین طول و عرض پاره‌نک انتهایی را دارا بود. از نظر طول میوه لاین‌های D2، D11، D1 و C10 بیشترین طول میوه را دارا بودند و لاین C1 کمترین طول میوه (۵ سانتی‌متر) را دارا بودند.

تجزیه خوشه‌ای

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها به روش حداقل واریانس وارد انجام شد. بر اساس برش دندروگرام کلیه لاین‌ها در هفت گروه دسته‌بندی شد (شکل ۱). گروه اول شامل لاین‌های C2; C3; C5 و C8 بود که ژنوتیپ C8 زودرس‌ترین ژنوتیپ در بین تمام لاین‌ها بود از این لاین ضمن مطالعات تکمیلی می‌توان به‌عنوان یک ژنوتیپ مناسب در زمینه زودرسی بهره جست. لاین‌های این گروه از نظر سطح برگ، طول پانزده میانگره اول، وزن خشک برگ و سایر خصوصیات رویشی مشابه بودند. گروه دوم شامل لاین‌های C12, D11, D14, C9, D3, D1, C10 بود که لاین‌های این گروه جزء لاین‌های متوسط رس بود. گروه سوم شامل لاین‌های C0, D10, D12 بود که هر سه این لاین‌ها جزء لاین‌های تیپ تازه‌خوری بوده و از نظر زودرسی جزء لاین‌های متوسط رس بوده و از نظر خصوصیات رویشی مثل سطح برگ، طول بوته، تعداد شاخه فرعی، وزن خشک برگ و طول و عرض پارهنگ انتهایی مشابه بودند. گروه چهارم شامل لاین C1 بود که از نظر زمان تا ظهور اولین گل ماده جزء لاین‌های دیررس بوده و از نظر سطح برگ و وزن خشک برگ و طول میوه کمترین مقدار را داشت. گروه پنجم شامل لاین‌های C4 و D2 بود که بیشترین سطح برگ و وزن خشک برگ را دارا بودند. از آنجایی که سطح برگ بیشتر باعث افزایش سطح فتوسنتز کننده بیشتر در گیاه شده و افزایش سطح فتوسنتز کننده نیز افزایش عملکرد را به دنبال خواهد داشت (Golabadi et al, 2012). لذا از این دو لاین ضمن مطالعات بیشتر، می‌توان جهت تولید هیبریدهای با عملکرد بالا بهره جست. گروه ششم شامل لاین‌های D15, C7 و D13 بود که لاین C7 در این گروه جزء لاین‌های تیپ تازه خوری بود و لاین D15 بیشترین طول و عرض پارهنگ انتهایی را دارا بود. گروه هفتم شامل لاین‌های D6, D5, D8, D7, D9, C6, C13, D4, C11 بود که لاین‌های D9, C11 و D6 در این گروه جزء لاین‌های تیپ تازه‌خوری بودند.

تجزیه تابع تشخیص

تجزیه تابع تشخیص این گروه‌بندی را ۱۰۰٪ تأیید کرد. در محل‌های برش ۵/۵، ۶/۵، ۸، ۱۰/۵ و ۱۲/۷۴ صحت گروه‌بندی به ترتیب ۹۵٪، ۹۲٪، ۸۴٪، ۶۲٪ و ۴۶٪ بود.

نتیجه‌گیری کلی

بر اساس نتایج این تحقیق بین لاین‌های خیار از نظر ژنتیکی اختلاف معنی‌داری وجود دارد که از این اختلاف ژنتیکی جهت ایجاد هتروزیس بیشتر و تولید بذور هیبرید مناسب‌تر می‌توان بهره جست.

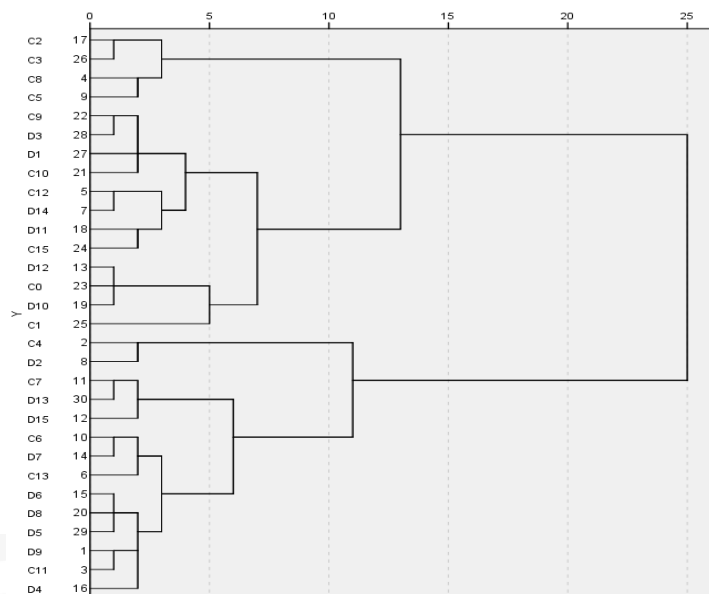
IrHC 2017
T e h r a n - I r a n

جدول ۳ - مقایسه میانگین صفات مورفولوژیکی در خیار

ژنوتیپ‌ها	تاریخ تا ظهور اولین گل ماده	سطح برگ (cm ²)	طول پانزده میانگره اول (cm)	تعداد شاخه فرعی	طول دم میوه (cm)	عملکرد کل (تعداد میوه)
C0 VIO43565	۵۷	۵۶/۵	۱۳۰	۳	۴	۵
C1 VIO43566	۶۴	۲۵/۵	۱۷۳	۶	۴	۶
C2 VIO43567	۵۰	۸۳/۱۲	۱۰۰	۲	۳	۳
C3 VIO43568	۵۰	۸۵/۶	۱۰۴/۵	۲/۷۴	۳	۵
C4 VIO45563	۵۷	۱۷۹/۹	۱۶۰	۱۳/۳۹	۴/۵	۱۳
C5 VIO45664	۵۹	۸۴/۰۹	۷۰	۲	۲	۸
C6 VIO43835	۵۳	۱۰۵	۱۸۰	۷	۵/۲	۳/۵
C7 VIO42828	۵۳	۱۱۵	۱۳۵	۳	۲	۶
C8 VIO33557	۳۸	۹۹/۲۱	۸۰	۳	۳/۵	۵/۵
C9 VIO33554	۴۰	۹۶/۶۲	۱۳۵	۳	۳/۵	۵/۶
C10 VIO44523	۵۳	۷۹/۰۸	۱۴۰	۳	۴	۸
C11 VIO46156	۶۵	۱۲۱/۵	۱۶۵	۱۲	۵/۵	۴
C12 VIO47926	۵۰	۷۳/۰۱	۱۵۰	۱۰	۴	۷
C13 VIO47036	۵۴	۱۲۰/۵۶	۱۸۰	۱۳	۵	۹
C15 VIO43263	۵۷	۸۸/۷۰	۱۶۵	۵	۴/۵	۱۰
D1 VIO43259	۵۴	۸۸	۱۲۴	۳	۳	۶
D2 VIO43260	۵۰	۲۰۰/۲۷	۱۴۰	۲	۵	۱۰
D3 VIO43261	۵۰	۸۵	۱۴۲	۳	۲/۵	۵
D4 VIO43262	۵۰	۱۳۶/۳۲	۱۶۰	۳	۴	۷
D5 VIO33534	۵۰	۱۱۷	۱۵۲	۲	۳	۵/۶
D6 VIO33535	۵۰	۱۲۲/۲۰	۱۷۰	۵/۸۱	۴/۵	۹
D7 VIO33536	۵۴	۱۱۰	۱۸۰	۸/۶۴	۳/۵	۱۰
D8 VIO33554	۵۴	۱۰۹/۸	۱۶۰	۴/۲۷	۳	۸
D9 VIO33541	۶۵	۱۲۱/۴	۱۷۰	۵/۸۲	۳	۶
D10 VIO33545	۵۵	۸۲/۴۹	۱۳۰	۵/۹۹	۲/۵	۱۰
D11 VIO43263	۵۰	۹۵/۲۷	۱۷۰	۴/۰۱	۳	۱۲
D12 VIO43267	۵۴	۶۱/۷۲	۱۳۰	۵/۱	۳	۱۰
D13 VIO43268	۵۵	۱۱۵	۱۳۵	۴	۲	۶
D14 VIO43223	۵۴	۶۹/۴۹	۱۶۵	۵/۵۲	۳	۵
D15 VIO339980	۵۳	۱۳۹/۶۴	۱۳۰	۲/۵۵	۲/۵	۹
LSD1%	۸,۱۳	۲۲/۸۷	۱۲/۸۶	۰/۶۸	۱/۴۵	۷/۶

جدول ۳ - مقایسه میانگین صفات مورفولوژیکی در خیار

طول میوه (cm)	عرض پاره‌نک انتهاپی (cm)	طول پاره‌نک انتهاپی (cm)	طول اولین میانگره (cm)	وزن خشک برگ (گرم)	ژنوتیپ‌ها
۱۲	۱۲	۷	۳	۰/۵۹	C0 VIO43565
۶	۵	۳	۳	۰/۲۲	C1 VIO43566
۱۴	۱۵	۹	۴/۵	۱/۲۶	C2 VIO43567
۱۳	۱۵/۵	۸	۳/۵	۱/۲۵	C3 VIO43568
۱۵	۲۱	۱۲	۵	۲/۹۳	C4 VIO45563
۱۷	۱۵	۹	۳	۱/۱۵	C5 VIO45664
۱۵	۱۶	۹	۳	۱/۵۶	C6 VIO43835
۱۳	۱۸	۱۰/۵	۳	۲/۶۲	C7 VIO42828
۲۸	۱۸	۹	۳	۱/۳۳	C8 VIO33557
۱۳	۱۸	۱۰	۳	۱/۳۷	C9 VIO33554
۷	۱۵	۷	۴	۱/۲۱	C10 VIO44523
۳۵	۱۶	۹	۳	۱/۷۷	C11 VIO46156
۷	۱۴	۷	۳/۵	۱/۳۳	C12 VIO47926
۲۴	۱۹	۱۰	۵/۵	۱/۵۶	C13 VIO47036
۱۵	۱۵	۸	۳/۵	۱/۴۷	C15 VIO43263
۸/۵	۱۶/۵	۸	۳	۰/۷۸	D1 VIO43259
۲۲	۲۳	۹	۳	۴/۰۸	D2 VIO43260
۱۹/۵	۲۳	۱۱	۲/۵	۰/۸۹	D3 VIO43261
۱۲	۲۳/۵	۱۱	۳	۲/۳۲	D4 VIO43262
۱۶/۵	۱۶	۱۲	۳	۰/۸۹	D5 VIO33534
۹	۱۸	۹	۳	۱/۵۵	D6 VIO33535
۱۳	۱۵	۸/۵	۳/۵	۱/۵۰	D7 VIO33536
۱۱	۱۷	۹	۳/۵	۱/۸۰	D8 VIO33554
۱۷	۱۹	۹	۵	۱/۳۰	D9 VIO33541
۱۵/۹۹	۱۳	۶/۵	۲	۰/۵۹	D10 VIO33545
۳۸/۰۱	۱۵	۷	۴/۵	۱/۱۴	D11 VIO43263
۱۵/۱۰	۱۴	۸	۲	۰/۶۰	D12 VIO43267
۱۱	۱۶	۷	۳	۱/۱۶	D13 VIO43268
۱۱/۵۲	۱۴	۸	۳/۷۵	۰/۹۰	D14 VIO43223
۱۵/۵۵	۲۲/۵	۱۳	۳	۲/۱۳	D15 VIO339980
۱۳/۶۸	۱۱/۱۵	۰/۸۶	۱/۸۷	۲/۰۸	LSD1%



شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای برای صفات مورفولوژیک با روش وارد

منابع

- Ali-Abadi, A., Lotfy, M. and Amiri, R. 2008. Assessment of genetic variation in greenhouse cucumber using cluster analysis. *Journal of Tropical Agriculture*; 14: 244-248.
- Chi Zhang, P., Arun, S., Natarajan, S. and Natesan, K. T. 2012. Evaluation of morphological and molecular diversity among south asian germplasm of *Cucumis sativus* and *Cucumis melo*. *International Scholarly Research Notices*; 11: 235-243.
- FAO. 2013. Agrostat database, update annually: <http://apps.fao.org/>.
- Golabadi, M., Golkar, P. and Eghtedary, A.R. 2012. Assessment of genetic variation in cucumber (*cucumis sativus* L.) genotypes. *Journal of Experimental Biology*; 2: 1382-1388.
- Keshavarz, S., Bagheri, M., Jafari, P. and Ghanbari, A. 2006. Classification of genetic variation in Iran cucumber. *Journal of Applied Biology*; 4: 23-26.
- Rahai, M., Tabatabai, A., Booshahri, B.A., Mishani, R.P. and Malbui, M.E. 2003. Genetic diversity among some chickpea using AFLP. *Journal of Tropical Agriculture*; 16: 253-262.
- Rajiv-Krishna, P., Arunachalam, D.A. and Venkatachalam, R. 2011. Fingerprinting in cucumber and melon (*Cucumis* spp.) genotypes using morphological and ISSR markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*; 14: 39-43.
- Razavi, M. 1998. Assessment of genetic variation in olive germplasm collection. *Journal of Horticulture Science*; 120: 995-1001.
- Sheikh-Ali, M. 2002. Assessment of genetic variation in wheatgrass. *Journal of Horticulture Science*; 69: 200-204. (In Farsi)
- Sadeghi, E., Mozafari, J. and Hasani, D. 2002. National recipe of tests discernment, monotony and stability in cucumber. 26 pp.

Evaluation of Genetic Variation in some Cucumber Lines

D. Ramezan¹, F. Moradipour^{2*}, J. Olfati and B. Zahedi³

¹ University of Zabol, Faculty of Agricultural Sciences, Horticultural Department, Zabol, Iran.

² University of Guilan, University Campus 2, Horticultural Department, Rasht, Iran. I.R

³ University of Lorestan, Faculty of Agricultural Sciences, Horticultural Department, Guilan, Iran.

⁴ University of Lorestan, Faculty of Agricultural Sciences, Horticultural Department, Lorestan, Iran.

*Corresponding Author: moradipour21@gmail.com

Abstract

Cucumber is one of the most economically important crops in terms of area under cultivation. The production of hybrid seeds has great importance for this plant. One of the most valuable steps in hybrid seed reform agenda is to recognize superior parent compounds. In our country, lack of sufficient knowledge about horticultural plants germplasm is the important limiting factor for improving programs on horticultural products specially cucumber. One of the goals of this study was the grouping of different cucumber genotypes, based on some morphological traits and their genetic distances. In this order, 25 cucumber lines were evaluated by measurement traits by cluster analysis. Cluster analysis based on ward grouping method was used to clustering of lines. According to the obtained results, from cluster analysis, all lines were grouped in 7 clusters. Lines D6, D9, C7 and C11 were fresh type lines. Line C4(13 fruit per plant) was higher yield per plant. Line C11 (65 day) was higher in first female flower position and Line C8 (38 day) was lowest in first female flower position. Line C1 was lowest leaf area (25/5 cm²) and leaf dry weight (0/22 g) and line D2 was higher leaf area (200/25 cm²) and leaf dry weight(4/08 g). line C6 (180 cm) was higher plant height. In this research there was high genetic diversity between studied lines that can be used for heterosis breeding by parental line selection for crossing to reach suitable cultivars.

Key words: Cluster analysis, genetic variation, Cucumber breeding

