



## مطالعه تنوع ژنتیکی کلکسیون گردوی کشور با استفاده از صفات مورفولوژیکی

راضیه محمودی<sup>۱\*</sup>، داراب حسنی<sup>۲</sup> محمد رضا دادپور<sup>۳</sup>، مهرشاد زین العابدینی<sup>۴</sup>، فریبرز زارع نهندی<sup>۲</sup>

فارغ التحصیل دانشکده کشاورزی گروه علوم باغبانی، دانشگاه تبریز، تبریز

هیات علمی موسسه تحقیقات علوم باغبانی، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

هیات علمی دانشکده کشاورزی گروه علوم باغبانی، دانشگاه تبریز، تبریز

هیات علمی پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج

\*نویسنده مسئول: [mahmoodi.razie@gmail.com](mailto:mahmoodi.razie@gmail.com)

### چکیده

کلکسیون گردوی کشور یکی از کلکسیون های مهم ذخایر ژنتیکی درختان میوه در کشور محسوب می شود. بررسی تنوع ژنتیکی موجود در این ذخایر ژنتیکی جهت شناسایی و بهره برداری از آن اولین گام در برنامه های مرتبط با حفاظت و بهره برداری از منابع ژنتیکی گیاهی است. در این پژوهش تنوع مورفولوژیکی در کلکسیون گردوی کشور با ۱۰۴ ژنوتیپ و رقم از ۹ جمعیت و با استفاده از ۱۸ صفت کمی از جمله تاریخ های برگدهی و گلدهی، صفات مرتبط با میوه و مغز و تعداد میوه در سطح مقطع تنه و تعداد میوه در سطح مقطع تاج در دو سال متوالی مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج حاصل از بررسی ژنوتیپ ها نشان داد که تغییرات وزن میوه بین ۶/۳۶ و ۱۵/۳۳ گرم، وزن مغز بین ۲/۶۷ و ۸/۲۱ گرم و درصد مغز بین ۳۵/۳۹ و ۷۱/۰۹ درصد متغیر بود. به منظور بررسی روابط صفات و تعیین متغیرهای با بیشترین همبستگی از روش تجزیه به عامل ها و چرخش وریماکس استفاده گردید. تجزیه به عامل ها نشان داد که ۱۸ متغیر تحت تاثیر ۶ عامل مستقل می باشند. این ۶ عامل مجموعاً ۷۹/۹۵ درصد از تغییرات متغیر ها را توجیه نمودند. تجزیه خوشه ای ژنوتیپ ها و ارقام را به شش گروه تقسیم کرد که این گروه ها به لحاظ مناطق جغرافیایی با یکدیگر ارتباط نداشتند.

**کلمات کلیدی:** گردو، تنوع ژنتیکی، تجزیه به عامل ها، کلکسیون

### مقدمه

گردو با نام علمی *Juglans regia* L. گیاهی از خانواده Juglandaceae است که در این خانواده هفت جنس و حدود ۶۰ گونه درخت خزان دار یک پایه وجود دارد. جنس *Juglans* دارای ۲۱ گونه است که همگی خوراکی هستند در بین این گونه ها، گونه *regia* از نظر تولید میوه خوراکی به عنوان مهمترین گونه شناخته شده و در سطح وسیعی در نقاط مختلف دنیا کشت می شود. (McGranahan et al., 1998). ایران بعد از چین و آمریکا، مقام سوم را در بین کشورهای تولید کننده گردو در جهان دارد (FAO, 2016). نظر به جایگاه تولید گردو در ایران و رتبه آن به لحاظ تولید و سطح زیر کشت در بازارهای جهانی و با توجه به اینکه کشور ما یکی از مراکز اصلی تنوع گردو در دنیا محسوب می شود، لذا بررسی تنوع ژنتیکی و مورفولوژیکی گردو دارای اهمیت بالایی می باشد (Mahmoodi et al., 2019). تنوع مورفولوژیکی حاصل تنوع ژنتیکی یک گیاه در ارتباط با اثرات متقابل ژنتیک و شرایط محیطی است که گیاه در آن رشد می کند. بنابراین تنوع مورفولوژیکی را می توان به عنوان یک راهنما جهت مطالعه تنوع ژنتیکی در نظر گرفت (Ebrahimi et al., 2015).

در ایران کار اصلاح گردو از دهه ۱۳۶۰ آغاز گردید (Atefi, 1990). در مرحله اول، در سالهای ۱۳۶۵-۱۳۶۱، از بین یک و نیم میلیون درخت پایه بذری در کشور نتاج ۱۱۷ ژنوتیپ مطلوب انتخابی در مناطق کرج، شاهرود، ارومیه و مشهد کشت شد و به مدت ۱۰ سال مورد ارزیابی قرار گرفتند. از میان ژنوتیپ های هر منطقه، ژنوتیپ های برتر انتخاب گردید. ژنوتیپ های گزینش شده به همراه ۸ رقم خارجی (برای مقایسه) در سال ۱۳۷۳ در یک طرح تحقیقاتی کشت گردید و ارزیابی ها منجر به معرفی دو رقم ایرانی به نام جمال و دماوند گردید (حسینی و همکاران، ۱۳۸۸). همچنین کلکسیون گردو ایستگاه تحقیقات کمالشهر با استفاده از ۲۵ صفت مورفولوژیک و پومولوژیک مورد ارزیابی قرار گرفت و ۵ ژنوتیپ امید بخش جهت ارزیابی کامل تر برای معرفی رقم جدید معرفی گردید (Mahmoodi et al., 2016). در بررسی دیگری ژنوتیپ های گردو در



کرمان (در هنزا، گوغر، بزنجان، کیسکان، راین و بیدخوان) با استفاده از صفات مورفولوژیک مورد بررسی قرار گرفت (Vahdati *et al.*, 2015). ژنوتیپ های شهرستان ملایر با استفاده از ۳۰ صفت مورفولوژیک و پومولوژیک مورد بررسی قرار گرفت و ۵۰ ژنوتیپ به عنوان ژنوتیپ امید بخش معرفی گردید (Rezaei *et al.*, 2018). هدف از این مطالعه بررسی تنوع مورفولوژیک کلکسیون گردو میباشد. در این پژوهش تنوع ژنتیکی ژنوتیپ های کلکسیون گردوی کشور با استفاده از صفات مورفولوژیک مورد ارزیابی قرار گرفت

## مواد و روش ها

این پژوهش در سال های ۱۳۹۳ تا ۱۳۹۶ بر روی کلکسیون تحقیقاتی گردوی پژوهشکده میوه های معتدله و سردسیری موسسه تحقیقات علوم باغبانی در کرج انجام شد. ژنوتیپ های موجود در این کلکسیون از سال ۱۳۸۰ از مناطق مختلف کشور جمع آوری گردیده است. علاوه بر ژنوتیپ های داخلی، برخی از ارقام خارجی شامل: Hartley, Pedro, Chandler, Roxana, Alsozentivani117 Ferjean, Fernor, Serr, Ronde de montignac در این کلکسیون کاشته شده اند. این کلکسیون در کرج در ارتفاع ۱۳۱۲ متر از سطح دریا قرار دارد. صفات فنولوژیکی شامل تاریخ برگ دهی، شروع و پایان آزادسازی دانه گرده، شروع و پایان پذیرش کلاله در دو سال متوالی ۱۳۹۴-۱۳۹۵ و بر اساس دیسکریپتور مورد ارزیابی قرار گرفت (IPGRI, 199). پس از رسیدن میوه ها، از هر درخت ۱۵ میوه برداشت و پس از جدا سازی پوست سبز، میوه ها در دمای اتاق در سایه خشک شدند. سپس میانگین آنها به عنوان نتیجه ارزیابی در نظر گرفته شد. در این تحقیق ۱۸ صفت کمی مورد ارزیابی قرار گرفت. برای بررسی و درک روابط بین متغیره ها داده ها با استفاده از روش آماری چند متغیره تجزیه به عاملها بر اساس میانگین داده های فنوتیپی دو سال استفاده گردید. محاسبات به کمک نرم افزار XLSTAT و PAST انجام شد.

## نتایج و بحث

یکی از تکنیک های بررسی تنوع ژنتیکی، بررسی تنوع و تعیین قرابت ژنتیکی بین ارقام و توده ها به وسیله شاخص های مورفولوژیک می باشد. در این پژوهش ۱۸ صفت کمی مورد بررسی و آنالیز قرار گرفت. آماره های تنوع و پراکنش نشان دادند که تنوع چشمگیری برای صفات تعداد میوه در سطح مقطع تنه (۱۱۳/۰۴)، طول دوره ریزش دانه گرده (۳۷/۹۳)، ضخامت غشاء (۱۲۵/۶۸) و باز شدن جوانه برگ (۳۳/۷۱) در ژرم پلاسما گردوی ایران وجود دارد (جدول ۱). زمان باز شدن برگ، آغاز پذیرش گل های ماده و طول دوره ریزش دانه گرده تنوع بسیار زیادی بین ارقام و ژنوتیپ های مورد مطالعه نشان داد. در کلکسیون مورد مطالعه ژنوتیپ های kerman 95, Kerman 111 زود برگه ترین ژنوتیپ در کلکسیون در هر سال ارزیابی بودند که باز شدن جوانه انتهایی آنها در تاریخ ۱۴ اسفند ثبت گردید و این تاریخ به عنوان یک معیار و مرجع برای محاسبه بقیه ژنوتیپ ها و ارقام مورد استفاده قرار گرفت. ارقام تجاری فرنور با ۵۴ روز و رقم روند د مونتینگناک با ۳۹ روز بعد از باز شدن جوانه ژنوتیپ های مرجع، به عنوان ارقام دیر برگه ثبت گردید بود. دیر برگ دهی یکی از مهم ترین صفات در اصلاح درختان گردو است که از خسارت سرمای دیررس بهاره جلوگیری می کند به علاوه ارقام و ژنوتیپ های دیر برگه آلودگی کمتری نسبت به بیماری آنتراکنوز نشان می دهند (دستجردی و حسنی، ۱۳۸۸).



جدول ۱: آماره های توصیفی صفات ارزیابی شده در کلکسیون گردو

صفات	مخفف	واحد	تعداد	حداقل	حداکثر	میانگین	اشتباه استاندارد	ضریب تغییرات
تاریخ باز شدن جوانه	BBr	روز	104	0	54	20.14	0.661	33.71
شروع ریزش گرده	SPS	روز	92	18	49	34.17	0.663	18.60
پایان ریزش گرده	EPS	روز	92	25	57	43.59	0.680	14.96
طول دوره ریزش گرده	PSP	روز	92	3	18	7	0.294	37.93
شروع پذیرش مادگی	SPFR	روز	101	13	50	34.72	0.689	19.94
پایان پذیرش مادگی	EPFR	روز	101	33	61	44.96	0.630	14.08
طول دوره پذیرش مادگی	PFRP	روز	101	4	25	9.93	0.291	29.49
طول میوه	NL	میلی متر	93	27.82	42.49	34.61	0.350	9.75
عرض میوه	NWi	میلی متر	93	27.98	39.76	33.20	0.281	8.16
ضخامت میوه	NT	میلی متر	93	27.42	46.87	31.72	0.303	9.22
شاخص شکل	IR	-	93	0.77	1.18	0.94	0.008	7.90
وزن مغز	KW	گرم	93	2.67	8.21	5.33	0.120	21.78
وزن میوه	new	گرم	93	6.36	15.33	10.20	0.210	19.85
درصد مغز	KP	درصد	93	35.39	71.09	52.34	0.657	12.10
ضخامت پوسته سخت	ST	میلی گرم	93	0.64	2.02	1.19	0.028	22.73
ضخامت غشاء	MT	میلی گرم	93	0.06	1.93	0.16	0.021	125.68
تعداد میوه در شعاع گسترش تاج	NNSCA	Nut/m2	104	0.27	93.17	15.47	1.369	9.02
تعداد میوه در سطح مقطع تنه	NNTCSA	Nut/cm2	104	0.02	11.39	1.15	0.130	113.04

تنوع زیادی در آغاز و پایان ریزش دانه گرده مشاهده گردید به طوری که در ژنوتیپ ۱-۸۸ و رقم روند د مونیگناک با میانگین ۴۹ روز بعد از ژنوتیپ مرجع دیرترین زمان شروع ریزش دانه گرده مشاهده شد. زودترین زمان ریزش گرده در ژنوتیپ kerman33 با میانگین ۱۸ روز بعد از مرجع ثبت گردید. تنوع در زمان برگ دهی و شروع پذیرش گل های ماده و آغاز ریزش دانه گرده در کشور در تحقیقات دیگری نیز تأیید شده است (حسینی و همکاران، ۱۳۸۸، Mahmoodi et al., 2016; Ghasemi et al., 2012).

ارزیابی های مربوط به اندازه میوه نشان داد که طول میوه بین ۲۷/۸۲ میلی متر (رقم Ferjean) و ۴۲/۴۹ میلی متر (Z30) متغیر بود. دامنه تغییرات عرض میوه با حداقل مقدار ۲۷/۹۸ میلی متر در ژنوتیپ ۵-۸۸ و حداکثر ۳۹/۷۶ میلی متر در ژنوتیپ Kd 20 بود. همچنین حداقل ضخامت میوه در رقم رند د مونیگناک (۲۷/۴۲ میلی متر) و حداکثر ضخامت میوه در رقم Alsozentivani 117 (۴۶/۸۷ میلی متر) بدست آمد. شاخص گردی میوه نیز تنوع بسیار زیادی نشان داد به طوری که این شاخص در رقم روند د مونیگناک خیلی کم، در رقم Alsozentivani 117 خیلی زیاد بود.

تنوع زیادی در صفات مربوط به میوه و مغز مشاهده گردید تغییرات وزن میوه بین ۶/۳۶ و ۱۵/۳۳ گرم، وزن مغز بین ۲/۶۷ و ۸/۲۱ گرم، درصد مغز بین ۳۵/۳۹ و ۷۱/۰۹ درصد، کارایی عملکرد میوه بین ۰/۰۲ و ۱۱/۳۹ میوه در سانتی متر سطح مقطع تنه (Nut/TSCA cm2) و تعداد میوه در شعاع گسترش تاج ۰/۲۷ و ۹۳/۱۷ میوه در متر مربع شعاع گسترش تاج متغیر بود (جدول ۱). بیشترین مقدار وزن میوه در این ارزیابی ۳۳/۱۵ گرم در ژنوتیپ Z30 بود که کمتر از مقدار گزارش شده توسط خدیوی خوی (۲۰۱۵) در فارس (۲۰/۲۸ گرم) و بیشتر از ارزیابی های انجام شده توسط ارزانی (۲۰۰۸) در یزد (۱۵/۰۲)، ابراهیمی (۲۰۱۷) در قزوین (۱۴/۴۲ گرم)، حسینی (۲۰۱۴) در کرج (۱۳/۶۲) بود. درصد مغز یکی از مهمترین صفات اصلاحی گردو محسوب می شود. در برنامه های اصلاحی گردو ژنوتیپ های با درصد مغز بالای ۵۰ درصد مطلوب هستند (Germain, 1997) در این مطالعه، تغییرات درصد مغز بین ۳۵/۳۹ در رقم پدرو تا ۷۱/۰۹ در ژنوتیپ Z28 در ژنوتیپ بدست آمد. بیشترین مقدار درصد مغز (۷۱/۰۹٪) بیشتر از نتایج گزارش شده توسط زینعلی و همکاران (۲۰۰۵، ۶۳/۸۰٪)، اسلانتاس (۲۰۰۶، ۶۷/۱۴٪)، قاسمی و همکاران (۲۰۱۲، ۵۶/۶٪) و ابراهیمی (۲۰۱۵، ۶۲/۱۸٪) بود.

به منظور درک روابط داخلی صفات و تعیین گروهی متغیرهای با بیشترین همبستگی از تجزیه به عامل ها با استفاده از روش مولفه‌های اصلی و چرخش عامل‌ها به روش وریماکس استفاده گردید. تجزیه به عامل‌ها توانست اثر ۶ عامل را بر ۱۸ متغیر تعیین نماید. در این تجزیه ۶ عامل مستقل از هم مجموعاً ۷۹/۹۵ درصد از تغییرات را توجیه نمودند (جدول ۲). در عامل اول که ۱۹/۹۹ درصد از واریانس کل را توجیه نمود، صفاتی نظیر وزن میوه، وزن مغز، ضخامت میوه و عرض میوه با ضرایب عاملی بالا و مثبت قرار گرفتند. این عامل به عنوان عامل موثر در تولید در نظر گرفته شد. عامل دوم با توجیه ۱۳/۹۳ درصد از تغییرات کل، بر صفات فنولوژی موثر بود. صفات باز شدن جوانه، شروع پذیرش گل ماده و پایان پذیرش گل ماده بیشتر متأثر از این عامل بودند. صفات متاز از این عامل هم ضرایب عاملی مثبتی داشتند. در فاکتور سوم صفات شروع ریزش گرده و پایان ریزش گرده با ضرایب عاملی مثبت مشاهده شدند. این عامل توانست ۱۲/۱۹ درصد از تغییرات واریانس کل را توجیه کند. عامل چهارم ۱۱/۷۶ درصد از واریانس را توجیه نمود که صفات تعداد میوه در سطح مقطع تنه و تعداد میوه در شعاع گسترش تاج در این عامل با ضرایب مثبت و معنی دار قرار گرفتند. عامل پنجم با ۱۱/۶۰ درصد از واریانس، صفات طول دوره ریزش گرده، درصد مغز، ضخامت پوست سخت میوه و ضخامت غشا درون میوه در این عامل قرار گرفتند. در عامل ششم صفات طول دوره پذیرش مادگی، ارتفاع میوه و شاخص شکل میوه قرار گرفتند. این نتایج در برخی موارد مشابه با نتایج گزارش شده توسط ساکر<sup>۱۱</sup> و همکاران (۲۰۱۱) بود.

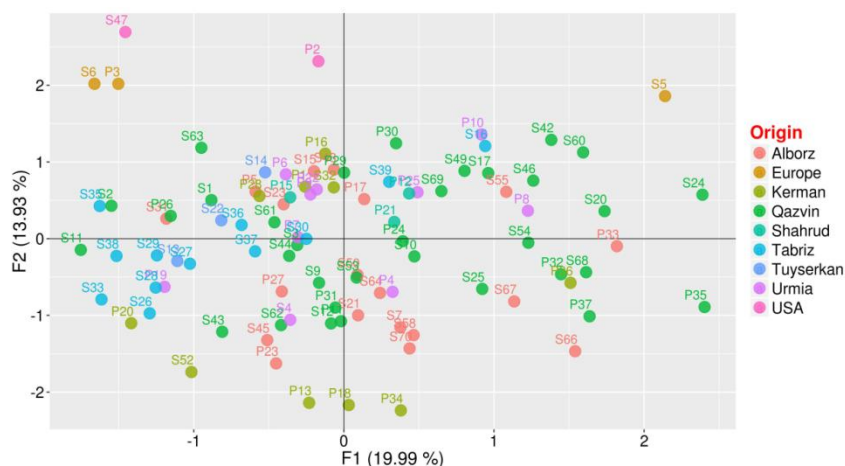
جدول ۲: نتایج حاصل از تجزیه به عامل ها برای صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ های گردو

صفات	ضرایب عامل‌های مشترک چرخش یافته (وریماکس)					
	فاکتور اول	فاکتور دوم	فاکتور سوم	فاکتور چهارم	فاکتور پنجم	فاکتور ششم
عرض میوه	<b>0.925</b>	-0.032	0.017	0.133	-0.056	-0.105
ضخامت میوه	<b>0.862</b>	0.057	0.034	0.151	-0.026	-0.147
وزن مغز	<b>0.792</b>	-0.34	-0.206	-0.061	-0.01	0.121
وزن میوه	<b>0.787</b>	-0.238	-0.16	-0.042	0.448	0.118
تاریخ باز شدن جوانه	-0.081	<b>0.695</b>	0.473	0.005	0.155	-0.206
شروع پذیرش مادگی	-0.128	<b>0.92</b>	-0.069	-0.12	0.037	-0.239
پایان پذیرش مادگی	-0.151	<b>0.888</b>	-0.103	0.164	-0.019	0.067
شروع ریزش گرده	-0.159	0.051	<b>0.925</b>	-0.087	0.111	-0.02
پایان ریزش گرده	0.032	-0.06	<b>0.952</b>	-0.06	-0.072	0.049
تعداد میوه در شعاع گسترش تاج	0.154	0.084	-0.072	<b>0.91</b>	-0.062	0.01
تعداد میوه در سطح مقطع تنه	0.071	0.028	-0.058	<b>0.944</b>	-0.076	0.064
طول دوره ریزش گرده	0.416	-0.175	0.026	0.114	<b>-0.442</b>	0.121
درصد مغز	0.121	-0.261	-0.085	-0.051	<b>-0.735</b>	0.02
ضخامت پوسته سخت	0.074	-0.091	-0.233	-0.161	<b>0.853</b>	-0.074
ضخامت غشاء	0.16	-0.086	0.224	-0.043	<b>0.596</b>	0.067
طول دوره پذیرش مادگی	-0.009	-0.263	-0.039	0.494	-0.1	<b>0.557</b>
طول میوه	0.641	-0.067	0.025	0.104	-0.011	<b>0.696</b>
شاخص شکل	0.15	0.097	-0.011	0.021	-0.004	<b>-0.945</b>
مقادیر ویژه	3.6	2.51	2.19	2.11	2.09	1.88
واریانس	19.99	13.93	12.19	11.76	11.6	10.47
واریانس جمعیتی	19.99	33.93	46.12	57.88	69.48	79.95

<sup>11</sup> Saker

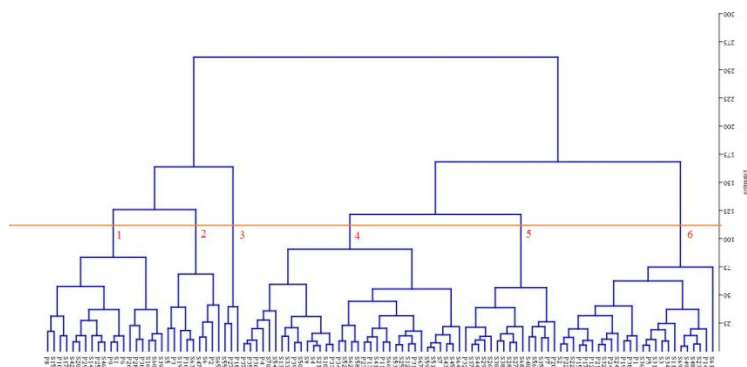


پراکنش ژنوتیپ ها و ارقام مورد بررسی بر اساس عامل اول و دوم در شکل ۱ نشان داده شده است. همانگونه که در شکل دیده می شود، تنوع زیاد در کلکسیون وجود داشته و ژنوتیپ ها پراکندگی زیادی را در صفحه نشان می دهند. بررسی گروه بندی ژنوتیپ ها در ۹ گروه جغرافیایی نیز نشان داد که منشا آنها خیلی در تمایز و دسته بندی آنها موثر نبوده است.



شکل ۱: پراکنش توزیع ژنوتیپ ها بر اساس عامل اول و دوم

گروه بندی ژنوتیپ ها با روش تجزیه خوشه ای و با استفاده از صفات مختلف نیز می تواند روش مؤثری دیگری در بررسی رابطه ژنوتیپ ها باشد. به منظور گروه بندی ژنوتیپ ها تجزیه خوشه ای بر اساس فاصله اقلیدسی و روش وارد (ward) انجام شد.



شکل ۲: دندروگرام حاصل از گروه بندی ژنوتیپ های گردو با استفاده از ۱۸ صفت کمی به روش Ward.

تجزیه خوشه ای انجام شده نشان داد که ۱۰۴ ژنوتیپ مورد بررسی می توانند در شش گروه مختلف طبقه بندی شوند. در این گروه بندی هم این گروه ها به لحاظ تنوع ژنتیکی و مناطق جغرافیایی مختلف با یکدیگر ارتباطی نداشتند در نتیجه افراد بر اساس مناطق جغرافیایی از یکدیگر جدا نشدند. فقط برخی ارقام خارجی در یک گروه جداگانه (زیر گروه ۲) قرار گرفت و بقیه ارقام و ژنوتیپ های ایرانی در تمام گروه ها پراکنده شده بودند (شکل ۲).

## منابع

حسینی، د. ۱۳۸۸. گزارش معرفی رقم جمال، رقم جدید گردو با عملکرد بالا و اندازه میوه و کیفیت مغز مطلوب مناسب برای مناطق گردو کاری کشور. موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال بذر-سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی

حسینیو د. ۱۳۸۸. گزارش نهایی معرفی رقم دماوند، رقم جدید گردو به عنوان گرده دهنده برای ژنوتیپ های گردوی ایرانی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال بذر-سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی

McGranahan, GH., Charles, A., Leslie, CA., Philips, H.A., Dandaker, A., 1998. Walnut propagation. In: Ramos D (ed), Walnut Production Manual. University of California, DAN RPublication, Davis, pp. 71-83.



- Zeneli, G., Kola, H. and Koyuncu, M. A. 2005. Some promising walnut selection (*Juglans regia* L.). Acta Horticulturae, 105: 91-100.
- Mahmoodi, R., Hassani, D., Amiri, M.E., Jaffaraghaei, M., 2016. Phenological and Pomological Characteristics of Five Promised Walnut Genotypes in. J. of Nuts. 7,1-8.
- Ebrahimi, A., Khadivi-Khub, A., Nosrati, Z., Karimi, R., 2015. Identification of superior walnut (*Juglans regia*) genotypes with late leafing and high kernel quality in Iran. Sci. Hortic. 193, 195–201
- Rezaei, Z., Khadivi, A., ValizadehKaji, B., Abbasifar, A., 2018. The selection of superior walnut (*Juglans regia* L.) genotypes as revealed by morphological characterization. Euphytica
- Sakar, E., Keskin, S., Unver, H., 2011. Using of factor analysis scores in multiple linear regression model for prediction of kernel weight in Ankara walnuts. J. Plant. Sci. 21,182-185.
- Hassani, D., Mosaffari, M.R.; Shoorkie, E., Soleimani, A., Iooni, A., 2014. Vegetative and Reproductive Traits of some Iranian Local and Foreign Cultivars and Genotypes of walnut (*Juglans regia* L.). Seed. Palt. Improve. J. 4, 29-1.
- Germain, E., 1997. Genetic improvement of the Persian walnut (*Juglans regia* L.). Acta Hort.
- Arzani, K., Mansouri-Ardakan, H., Vezvaei, A., Reza Roozban, M., 2008. Morphological variation among Persian walnut (*Juglans regia* L.) genotypes from central Iran. N. Z. J. Crop Hortic. Sci. 36, 159–168
- Khadivi-Khub, A., Ebrahimi, A., Mohammadi, A., Kari, A., 2015. Characterization and selection of walnut (*Juglans regia* L.) genotypes from seedling origin trees. Tree. Genet. Genomes. 11, 54.
- IPGRI (1994) Descriptors for walnut (*Juglans* spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- Ghasemi, M., Arzani, K., Hassani, D. 2012. Evaluation and identification of walnut (*Juglans regia* L.) genotypes in Markazi province of Iran. Crop Breed J, 2:119–124.
- Atefi, J. 1990. Preliminary research of Persian walnut and correlation between pair characters. Acta Horticulture, 284:97-104.

### Study of genetic diversity of Iranian walnut (*Juglans regia* L.) collection by using morphological traits

Razieh Mahmoodi<sup>1</sup>, Darab Hassani<sup>2</sup>, Mohammad Reza Dadpour<sup>1</sup>, Mehrshad Zeinalabedini<sup>4</sup>, Fariborz Zaare Nahandi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Horticulture Sciences, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran

<sup>2</sup>Temperate Fruits Research Center, Horticultural Science Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

<sup>3</sup>Systems Biology Department, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

#### Abstract

The walnut collection is one of the most important collections of fruit reserves in Iran. The first step in breeding programs related to the conservation and utilization of them is study of the genetic diversity of these resources. We characterized individual trees using 18 standard morphological traits such as leafing data, start and end of pollen shedding, start and end of pistillate flowers receptivity and pomological characters to consecutive years. The range of traits varied widely for some economically important characteristics including nut weight (6.36–15.33 g), kernel weight (2.67–8.21 g), and kernel fill percentage (35.39–71.09%). Relationships between traits were investigated by means of factor analysis using correlation matrix and with varimax rotations. In this case the effects on eighteen studied traits were divided into six factors. The result achieved by factor analysis indicated that six factors accounted for 79.95% of the total variance. Cluster analysis using UPGMA method and Euclidean distance detected six major clusters. A relationship between the phenotypic diversity and the geographical origin was not found.

**Key words:** walnut, genetic diversity, Factor analysis, collection