ارزیابی بعضی از ژنوتیپ‌های لایم جنوب کشور بر اساس صفات مورفولوژی

سمانه راهب [*۱]، مرتضی گل‌محمدی[۱]، بهروز گلعین [۱]
[*۱] محقق پژوهشکده مرکبات و میوه‌های نیمه گرمسیری، رامسر
[۱و۱] استادیار و دانشیار پژوهشکده مرکبات و میوه‌های نیمه گرمسیری، رامسر
[*] نویسنده مسئول: srahebcitrus@yahoo.com

چکیده

به‌منظور ارزیابی برخی از ژنوتیپ‌های لیموترش جنوب کشور بر اساس خصوصیات مورفولوژی میوه، بذر،گل و برگ، تعداد ۳۵ ژنوتیپ لایم در طی سال‌های ۱۳۹۴-۱۳۹۵ جمع‌آوری شدند. تجزیه‌ی خوشه‌ای نمونه‌ها بر اساس صفات مورفولوژی، به روش حداقل واریانس وارد، صورت گرفت و ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند. بیشترین تعداد ژنوتیپ مورد بررسی با ۲۰ عضو در گروه سوم (G3) دیده شد. بررسی ماتریس تفاوت بر اساس ضریب گاور نشان داد بین نمونه‌ها در دامنه ۰/۰۵ تا ۰/۶۳ تفاوت وجود دارد. حداکثر میزان تفاوت بین دو نمونه C10 (مکزیکن لایم) و ژنوتیپ TD9 تعلق داشت و حداقل میزان تفاوت نیز بین دو ژنوتیپ از منطقه میناب (MH3 و MH1) مشاهده شد. بر اساس نتایج به‌دست آمده مشخص شد که بین ژنوتیپ‌ها در صفات مختلف مورفولوژی تفاوت وجود داشته که بیانگر تنوع در بین این ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

کلمات کلیدی: بذر، تجزیه‌ی خوشه‌ای، تنوع، گل، لیموترش

مقدمه

لایم‌ها گروهی از مرکبات را شامل می‌شوند که موطن اصلی آن‌ها جزایر هند شرقی بوده که به اروپا منتقل شده‌اند (Davies and Albrigo, 1994). کشورهای عمده تولید کننده لایم در جهان شامل هند، مکزیک، چین، آرژانتین، برزیل، اسپانیا، آمریکا، ترکیه و ایران است (FAOSTAT, 2017)، که از لحاظ سطح زیرکشت و میزان تولید لایم، ایران در رتبه نهم جهانی قرار گرفته است، که سطح زیر کشت آن حدود ۲۵۷۳۴ هکتار و میزان تولید آن ۴۲۷۷۱۵ تن می‌باشد (FAOSTAT, 2017). مناطق مناسب کشت لایم در ایران، استان‌های فارس، بوشهر، کهکیلویه، هرمزگان و سیستان بلوچستان می‌باشد (Golein and Adouli, 2011). از مهمترین کاربردهای لیموترش استفاده از آن در صنایع دارویی، صنایع تبدیلی به‌عنوان لیمو خشک و تولید آب‌لیمو است (Sheresta *et al.*, 2012; Njoku *et al.*, 2011). با وجود مزایای ذکر شده از لیموترش یکی از مشکلات اصلی آن وجود بیماری جاروک است . که در سال های اخیر وقوع این بیماری بخش زیادی از درختان لایم در جنوب ایران را از بین برده است و تهدید اصلی برای تولید لایم در ایران محسوب می‌شود. بیماری جاروک ناشی از نوعی فیتوپلاسما (Candidatus *Phytoplasma aurantifolia*)، مهمترین بیماری درختان لایم‌ترش می‌باشد (Bove *et al.*, 2000). نشانگرهای مورفولوژی عمدتاً متناظر با صفاتی هستند که پیامد جهش‌های قابل رویت در مورفولوژی DNA می‌باشند .این نشانگرها در جمعیت‌های طبیعی یافت می‌شوند و یا در نتیجه آزمایش‌های جهش‌زایی تولید می‌شوند. در روش‌های کلاسیک اصلاح گیاهان، برآورد تنوع در بین گیاهان بر پایه چنین ویژگی‌هایی استوار است و استفاده مستمر از این ویژگی‌ها برای توصیف ارقام دلیلی بر اهمیت و اعتبار این صفات می‌باشد (Ansari and Bloosi, 2004). آل نگار و همکاران (۲۰۰۹)، برای ارزیابی خصوصیات بین گونه‌ای در دورگ‌هایی که حاصل از تلاقی لمون ولکامریانا و لایم بودند، از بعضی صفات مورفولوژی همچون تعداد بذر در هر میوه، درصد جوانه زنی و تعداد جنین‌های موجود در هر بذر استفاده کردند. بر اساس نتایج بدست آمده دورگ‌های ناشی از لمون ولکامریانا هیچ کدام چند جنین نبودند. دورجی و یاپ‌واتادافیوم (Dorji and

IrHC2019

Yapwattanaphun, 2011) در بررسی ژنوتیپ های نارنگی (*Citrus reticulata* Blanco) در بوتان، جهت شناسایی آنها از ویژگی‌های مورفولوژی استفاده نمودند. در داده‌های حاصل از بررسی طول و عرض برگ؛ عرض، طول و قطر میوه؛ ضخامت اپی‌کارپ و تعداد بذر در میوه تفاوت معنی دار بالایی بین ژنوتیپ ها مشاهده شد، در حالی که ویژگی‌های گل، تنوع کمی را بین درختان و حتی مناطق نشان دادند. به دلیل بذری بودن ارقام مختلف لایم‌ترش و سابقه کشت طولانی آن، ژنوتیپ‌های مختلفی از آن در نواحی جنوبی کشور بوجود آمده است. در طی دهه‌ی گذشته با تلاش پژوهشگران مرکبات کشور، تعدادی از بیوتیپ‌های لیموترش از مناطق جنوبی کشورجهت دست‌یابی به ارقام متحمل به جاروک جمع‌آوری و در کلکسیون‌ها نگهداری می‌شوند. تا کنون ارزیابی‌های دقیق باغبانی همچون بررسی خصوصیات مورفولوژی در آن‌ها انجام نشده است. لذا در این پژوهش بررسی خصوصیات مورفولوژی تعدادی از این ژنوتیپ‌ها بعنوان اولین قدم جهت شناسایی دقیق نمونه‌های مورد نظر و استفاده از آن ها در برنامه‌های اصلاحی جهت بهبود صفات مختلف مورد مطالعه قرار گرفته است.

موادوروش‌ها

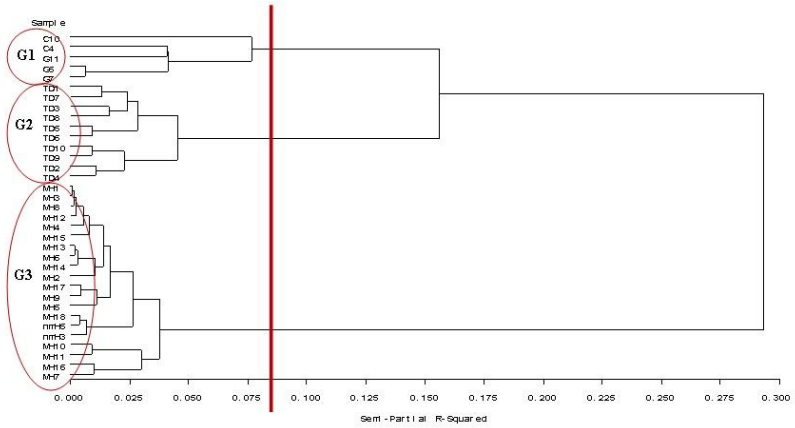
سی و پنج ژنوتیپ طبیعی لایم‌ترش از مناطق اصلی کاشت آن، واقع در کلکسیون ایستگاه‌های تحقیقات مرکبات جنوب کشور از استان‌های فارس (داراب و جهرم)، هرمزگان (میناب) و کرمان (جیرفت)، که همگی روی پایه‌های یکسان پیوند زده شده بودند و از شرایط یکسان باغبانی نیز برخوردار بودند، انتخاب شدند و خصوصیات مورفولوژی آن-ها در طی دوسال متوالی ارزیابی شد. برای ارزیابی ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نمونه‌های میوه، گل و برگ استفاده شد. بر اساس مناطق کشت، زمان برداشت میوه‌ی ژنوتیپ‌های مختلف طی ماه‌های تیر تا شهریور بود. بطوریکه ۳۰ عدد میوه به‌طور تصادفی از قسمت‌های مختلف درخت در زمان رسیدن باغبانی میوه بر اساس شاخص برداشت لایم‌ها که میزان آب میوه و رنگ قابل قبول است، انتخاب شدند. جهت تکمیل صفات مربوط به گل تعداد ۳۰ عدد گل از هر ژنوتیپ با شروع فصل بهار و شکوفایی گل‌ها (اوایل ماه اسفند تا فروردین) از تمام قسمت درخت نمونه‌گیری صورت گرفت. برای انتخاب برگ‌ها، تعداد ۳۰ عدد برگ از بخش میانی شاخه‌های رویشی در زمان برداشت میوه در نظر گرفته شد. سپس نمونه‌ها مورد نظر با حفظ اصول قرنطینه‌ای به آزمایشگاه پژوهشکده مرکبات و میوه‌های نیمه گرمسیری، رامسر انتقال داده شدند. ویژگی‌های مورفولوژی ژنوتیپ‌های مختلف بر اساس توصیف‌نامه ی مرکبات مورد بررسی قرار گرفت (IPGRI, 1999). اندازه‌گیری صفات ذکر شده با استفاده از مشاهدات عینی و کولیس انجام شد. در نهایت داده‌ها به نرم‌افزار Excel برای انجام تجزیه‌های آماری منتقل شدند سپس تجزیه خوشه‌ای بر اساس تمام صفات مورفولوژی اندازه‌گیری شده به روش حداقل واریانس وارد (Ward, 1963) و بررسی ماتریس تفاوت بر اساس ضریب گاور با استفاده از نرم افزار SAS 9.0 (SAS, 2002) صورت گرفت.

تجزیه خوشه‌ای نمونه‌ها بر اساس داده‌های مورفولوژی

تجزیه خوشه‌ای بر اساس تمام صفات مورفولوژی اندازه‌گیری شده به روش حداقل واریانس وارد (Ward, 1963) با استفاده از نرم افزار SAS 9.0 (SAS, 2002) صورت گرفت. مناسب‌ترین نقطه برش دندروگرام از بین نقاط مختلف موجود، نقطه‌ای انتخاب شد که کل ژنوتیپ‌های لیموترش مورد مطالعه را به سه گروه تقسیم‌بندی نماید (شکل۱). با این برش، ژنوتیپ‌های هر گروه شاخصه‌های متمایزی داشتند که آن‌ها را از سایر گروه‌ها جدا کرد. بر اساس نتایج بدست آمده از تجزیه خوشه‌ای، بیشترین تعداد ژنوتیپ مورد بررسی در گروه سوم (G3) دیده شد که شامل ۲۰ ژنوتیپ بود. همانطور که مشخص است تمامی ژنوتیپ‌هایی که در گروه سه (G3) قرار گرفتند، همگی متعلق به استان هرمزگان و شهرستان میناب می‌باشند. تشکیل یک گروه جداگانه برای نمونه‌های شهرستان میناب می‌تواند به دلیل مسیر تکاملی مشترک برای این ژنوتیپ‌ها باشد، از آنجاییکه در این شهرستان لیموها سطح زیر کشت بیشتری را نسبت به

IrHC2019

سایر ارقام مرکبات به خود اختصاص داده‌اند، لذا به‌نظر می‌رسد ناخالصی ژنی کمتری در این مناطق وارد شده باشد و همچنین تکثیر لیموها در این منطقه از راه بذر می‌باشد و به دلیل ذکر شده در بالا، حفاظت‌شدگی ژنوتیپ‌ها در این منطقه طبیعی به نظر می‌رسد. نتایج به‌دست آمده از تحقیق جهانگیرزاده و همکاران (۱۳۹۴)، گروه‌بندی بالا را تایید می‌کند.



شکل «۱» نمودار خوشه‌ای ۳۵ ژنوتیپ مرکبات با استفاده از خصوصیات مرفولوژی به روش حداقل واریانس وارد

گروه دوم (G2) با داشتن ۱۰ عضو دومین گروه را از لحاظ جمعیت به خود اختصاص داده است. همانطور که از اطلاعات جدول (۱) مشخص است این نمونه‌ها متعلق به استان شیراز و شهرستان داراب می‌باشند. قرار گرفتن آن‌ها در یک گروه با توجه به اینکه همگی در شرایط آب و هوایی و باغی یکسان پرورش پیدا کرده‌اند طبیعی به نظر می‌رسد. ژنوتیپ‌های C10، C4، G11، G5 و G7 از اعضای گروه یک (G1) می‌باشند. نمونه‌های G5، G7 و G11 متعلق به استان کرمان و شهرستان جیرفت می‌باشند که همراه با مکزیکن لایم (C10) و پرشین لایم (C4) در یک گروه قرار گرفته‌اند. همانطور که مشخص است ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در این پژوهش بر اساس مناطق کشت و شرایط آب و هوایی یکسان با توجه به ویژگی‌های مورفولوژی در سه گروه جداگانه قرار گرفتند. که این موضوع می‌تواند بیانگر مسیر تکاملی جداگانه‌ی هر کدام از گروه‌ها باشد. با توجه به اینکه ویژگی‌های مورفولوژی به راحتی تحت اثر عوامل محیطی قرار می‌گیرند، برای تشخیص میزان تشابه دقیق ژنوتیپ‌های مختلف نیاز به کاربرد نشانگرهای مولکولی می‌باشد. با توجه به کاربرد دو نشانگر مولکولی در این پژوهش (نتایج آورده نشده است)، نتایج حاصل از نمودار خوشه‌بندی آن‌ها نیز تقریبا این گروه‌بندی مورفولوژی را تایید می‌کند. طبق یافته‌های زندکریمی و همکاران (Zandkarimi *et al.*, 2011) در ارزیابی مورفولوژی بعضی از ژنوتیپ‌های لایم و لمون در استان هرمزگان بیان کرد که ژنوتیپ‌های لایم در پاره‌ای از صفات مورفولوژی همچون شکل، اندازه و ضخامت پوست میوه‌ها با هم متفاوت هستند. مشخصات مورفولوژی هر کدام از گروه‌ها به طور جداگانه بررسی شد و مشخص شد که هر گروهی مشخصات خاص خود را دارد که بعضی از این خصوصیات نسبت به صفات دیگر دارای ارزش اصلاحی بالاتری هستند. به نظر می‌رسد، گروه سوم (G3)، دارای بعضی از ویژگی‌های برتر نسبت به دو گروه دیگر باشد. به‌عنوان مثال، بافت گوشت میوه‌های آن، گوشتی و آبدار است که این موضوع در صنایع تبدیلی کابرد فراوانی دارد. میزان آب‌میوه، میزان اسیدیته و برخی از صفات دیگر بیشتر از سایر خصوصیات مورفولوژی و کمی و کیفی در تعیین کیفیت لیموترش حائز اهمیت است (Sheresta *et al.*, 2012). همچنین میوه‌های گروه سوم اکثرا به شکل کروی هستند. همانطور که می‌دانیم گردی میوه در مرکبات از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. میوه‌های گروه سوم دارای سطح پوستی صاف هستند که نسبت به دو گروه دیگر که سطحی زبر دارند از قابلیت بازارپسندی بیشتری برخوردار خواهند بود. از طرفی دیگر درگروه‌های یک (G1) و دو(G2) نسبت به گروه سوم (G3)، درخت از تراکم تیغ کمتری برخوردار است که جز صفت مطلوب این گروه‌ها محسوب می‌شود.

IrHC2019

ینابراین می‌توان با توجه به ویژگی‌های برتر هر گروه از صفات مطلوب هر ژنوتیپ در کارهای اصلاحی استفاده زیادی کرد.

تحلیل ماتریس تفاوت حاصل از داده‌های مورفولوژی

بررسی ماتریس تفاوت بر اساس ضریب گاور نشان داد (جدول ۱) بین نمونه‌ها در دامنه ۰/۰۵ تا ۰/۶۳ تفاوت وجود دارد. حداکثر میزان تفاوت بین دو نمونه C10 (مکزیکن لایم) و ژنوتیپ TD9 تعلق داشت و حداقل میزان تفاوت نیز بین دو ژنوتیپ از منطقه میناب (MH3 و MH1) مشاهده شد. همانطور که گفته شد، نمونه C10 که متعلق به منطقه میناب می‌باشد بالاترین میزان تفاوت را با نمونه‌ی TD9 که به نام لیمومحلی منطقه فورگ از استان شیراز می‌باشد، داشت. این اختلاف زیاد طبیعی به نظر می‌رسد چرا که با توجه به بررسی خصوصیات مرفولوژی میوه، بذر، گل و برگ از لحاظ بسیاری از صفات صفات دیگر با هم متفاوت هستند. همانطور که از داده‌های جدول ۳، مشخص است مکزیکن لایم با ضریب تفاوت ۰/۴۳ کمترین تفاوت و بیشترین شباهت را با ژنوتیپ MH5 دارد. با توجه به در نظر گرفتن ویژگی‌های مورفولوژی نمونه‌ی MH5 با نام محلی ۲-۵ بذری، متوجه خواهیم شد که شباهت بسیار زیادی با مکزیکن لایم دارد. در بررسی مورفولوژی مرکبات، محدوده تنوع ژنتیکی بدست آمده توسط شاخص‌های مورفولوژی معمولا در دامنه‌ای است، که در بررسی حاضر بدست آمده است. جهانگیرزاده و همکاران (۱۳۹۴)، در بررسی تنوع و روابط خویشاوندی برخی از ژنوتیپ‌های لایم با استفاده از نشانگرهای مولکولی و مورفولوژی، بیان کردند که بین نمونه ها از لحاظ مورفولوژی بین ۸ ٪ تا ۷۲٪ تفاوت وجود دارد. با توجه به نتایج ارایه شده و وجود تنوع کافی بین ژنوتیپ‌های لیموترش مورد مطالعه، می‌توان در آینده با انتخاب مواد گیاهی مناسب در بین گروه‌ها برای انجام برنامه‌های اصلاحی با اهداف متعدد استفاده کرد. به‌طوریکه می‌توان انتظار داشت هیبریدهای حاصل از تلاقی گروه اول (G1) با گروه دوم (G2) و سوم (G3) بتوانند از لحاظ صفات مورد بررسی مطلوب‌تر و برتر از ژنوتیپ‌های موجود ظاهر شوند.

جدول «۱» ماتریس تفاوت حاصل از داده‌های مورفولوژی

Sample	C10	C4	G11	G6	G7	MH1	MH10	MH11	MH12	MH13	MH14	MH15	MH16	MH17	MH18	MH2	MH3	MH4	MH5	MH6	MH7	MH8	MH9	nmH3	nmH5	TD1	TD10	TD2	TD3	TD4	TD5	TD6	TD7	TD8	TD9
C10	0																																		
C4	0.513	0																																	
G11	0.5861	0.4335	0																																
G6	0.4607	0.4463	0.4382	0																															
G7	0.5136	0.313	0.3297	0.1706	0																														
MH1	0.5269	0.3787	0.41	0.3754	0.3896	0																													
MH10	0.4804	0.4518	0.5529	0.424	0.5294	0.267	0																												
MH11	0.4951	0.4252	0.4604	0.3792	0.4586	0.1606	0.2048	0																											
MH12	0.512	0.3784	0.4634	0.4184	0.4181	0.1205	0.3405	0.2213	0																										
MH13	0.5535	0.406	0.4853	0.3512	0.3965	0.1395	0.2883	0.2183	0.1268	0																									
MH14	0.4868	0.3827	0.5654	0.3931	0.4363	0.1706	0.3085	0.2581	0.1371	0.0993	0																								
MH15	0.5088	0.3796	0.5037	0.4033	0.4072	0.1603	0.3088	0.2647	0.1437	0.1651	0.1201	0																							
MH16	0.5548	0.3927	0.483	0.4501	0.4812	0.1963	0.2651	0.2491	0.2526	0.2079	0.2716	0.3115	0																						
MH17	0.5181	0.3735	0.4852	0.4176	0.465	0.1645	0.2224	0.2346	0.161	0.1489	0.2126	0.1873	0.2496	0																					
MH18	0.5746	0.3467	0.4085	0.3376	0.3632	0.1196	0.3147	0.2067	0.1376	0.1072	0.1881	0.1712	0.2619	0.1497	0																				
MH2	0.5737	0.3233	0.5173	0.4029	0.3954	0.2057	0.3304	0.2529	0.17	0.2069	0.1649	0.2237	0.313	0.2805	0.198	0																			
MH3	0.5117	0.3548	0.4521	0.4175	0.4317	0.0536	0.3119	0.1758	0.0791	0.1416	0.1293	0.1625	0.2194	0.158	0.1218	0.1521	0																		
MH4	0.5673	0.383	0.4192	0.4158	0.4155	0.086	0.3509	0.2228	0.1682	0.1872	0.2204	0.208	0.2151	0.1871	0.1673	0.2265	0.1179	0																	
MH5	0.4367	0.4452	0.5494	0.3625	0.4896	0.2031	0.3357	0.2349	0.1892	0.1638	0.184	0.2675	0.2832	0.2108	0.2246	0.2626	0.1835	0.2653	0																
MH6	0.5904	0.3472	0.4813	0.3887	0.4319	0.1438	0.2947	0.2487	0.1726	0.0948	0.126	0.2462	0.1456	0.2212	0.1837	0.1953	0.1452	0.1719	0.2196	0															
MH7	0.6102	0.4283	0.5377	0.4302	0.4878	0.2183	0.3865	0.2891	0.2425	0.2367	0.2506	0.287	0.2156	0.3413	0.3083	0.2836	0.2335	0.2609	0.2315	0.176	0													
MH8	0.4737	0.3365	0.4804	0.3868	0.401	0.0973	0.2791	0.2083	0.0884	0.1688	0.1151	0.1283	0.2698	0.1829	0.131	0.1322	0.056	0.1595	0.2196	0.1976	0.286	0												
MH9	0.5093	0.3561	0.4815	0.3599	0.4507	0.1314	0.2116	0.1876	0.1707	0.1586	0.2005	0.2622	0.1953	0.1454	0.1825	0.2813	0.1292	0.2008	0.2108	0.1215	0.293	0.1613	0											
nmH3	0.5738	0.3454	0.5522	0.454	0.4579	0.2255	0.3549	0.3079	0.2648	0.231	0.2947	0.2911	0.3494	0.2451	0.1679	0.2929	0.2277	0.2732	0.2953	0.2852	0.3698	0.2555	0.2615	0										
nmH5	0.5662	0.3822	0.4669	0.4176	0.4216	0.1676	0.3498	0.272	0.1666	0.1724	0.2579	0.1895	0.2971	0.1704	0.135	0.286	0.1662	0.2153	0.2814	0.2534	0.3049	0.179	0.208	0.1679	0									
TD1	0.5904	0.4108	0.4364	0.4484	0.3471	0.3773	0.4662	0.3941	0.3901	0.3552	0.3733	0.3876	0.3865	0.4816	0.4089	0.3495	0.4107	0.396	0.397	0.3384	0.3581	0.4104	0.4442	0.3905	0.4237	0								
TD10	0.5556	0.3939	0.4381	0.5077	0.4355	0.4297	0.4532	0.4586	0.4184	0.4331	0.4687	0.5012	0.3083	0.4151	0.4734	0.4994	0.4493	0.3892	0.4716	0.368	0.3806	0.4873	0.4067	0.5464	0.4772	0.3672	0							
TD2	0.6093	0.3949	0.4323	0.5107	0.4115	0.3628	0.4286	0.3585	0.3322	0.3302	0.4157	0.3627	0.3787	0.3617	0.3271	0.4227	0.3615	0.4	0.3588	0.4113	0.3222	0.3742	0.4147	0.3566	0.342	0.3038	0.3052	0						
TD3	0.5475	0.4887	0.4629	0.5282	0.4704	0.4192	0.4973	0.4034	0.357	0.4223	0.3949	0.4471	0.4273	0.4474	0.4095	0.4437	0.3744	0.4597	0.4194	0.4557	0.4676	0.3872	0.4535	0.5694	0.4712	0.3725	0.2958	0.3051	0					
TD4	0.6251	0.3657	0.4703	0.4928	0.3988	0.4691	0.5408	0.4904	0.385	0.3851	0.3988	0.4393	0.4177	0.4514	0.421	0.3895	0.4191	0.4483	0.4064	0.3639	0.3156	0.4153	0.4644	0.4759	0.4439	0.3523	0.2838	0.2251	0.3188	0				
TD5	0.607	0.4597	0.429	0.479	0.387	0.3308	0.4141	0.3658	0.3337	0.2665	0.3474	0.3999	0.299	0.3545	0.3241	0.4289	0.3678	0.3535	0.353	0.2908	0.3435	0.3857	0.3457	0.466	0.3721	0.3069	0.258	0.2291	0.2593	0.2491	0			
TD6	0.5022	0.4155	0.45	0.3808	0.3645	0.3232	0.4051	0.3581	0.3127	0.289	0.3047	0.4007	0.365	0.3238	0.3165	0.3676	0.3131	0.3676	0.2952	0.2699	0.4095	0.3128	0.2476	0.4113	0.3827	0.3363	0.3744	0.3672	0.3442	0.282	0.2068	0		
TD7	0.5534	0.4728	0.3984	0.4408	0.4307	0.4153	0.4197	0.4191	0.3847	0.4044	0.4246	0.4684	0.4052	0.41	0.3971	0.4495	0.4139	0.4524	0.407	0.3985	0.4974	0.4049	0.3542	0.4683	0.4588	0.2479	0.3117	0.2852	0.2583	0.3543	0.283	0.2689	0	
TD8	0.5705	0.4865	0.49	0.4978	0.4008	0.4138	0.5384	0.4277	0.3796	0.3679	0.3881	0.4178	0.4198	0.4966	0.4173	0.4336	0.4159	0.4325	0.3781	0.4019	0.3998	0.4252	0.4649	0.4917	0.4554	0.258	0.4514	0.2983	0.274	0.3894	0.2848	0.3177	0.2953	0
TD9	0.6297	0.4115	0.4465	0.5234	0.4512	0.4478	0.489	0.435	0.3717	0.3681	0.421	0.4797	0.3405	0.4285	0.3605	0.4323	0.4283	0.4074	0.4293	0.3695	0.4005	0.4396	0.4415	0.4704	0.4375	0.3145	0.2034	0.222	0.2561	0.2784	0.219	0.3823	0.2622	0.3611	0

نتیجه گیری

نتایج این پژوهش نشان داد که در بین ۳۵ ژنوتیپ لیموترش انتخابی از نظر خصوصیات مورفولوژی میوه، تفاوت‌های قابل توجهی وجود دارد. مناسب‌ترین نقطه برش دندروگرام از بین نقاط مختلف موجود، نقطه‌ای انتخاب شد که کل ژنوتیپ‌های لیموترش مورد مطالعه را به سه گروه تقسیم‌بندی نماید. با این برش، ژنوتیپ‌های هر گروه شاخصه‌های متمایزی داشتند که آن‌ها را از سایر گروه‌ها جدا کرد. بر اساس نتایج بدست آمده از تجزیه خوشه‌ای، بیشترین تعداد ژنوتیپ مورد بررسی در گروه سوم (G3) دیده شد که شامل ۲۰ ژنوتیپ بود. بررسی ماتریس تفاوت بر اساس ضریب گاور نشان داد بین نمونه‌ها در دامنه ۰/۰۵ تا ۰/۶۳ تفاوت وجود دارد. دلیل احتمالی این تنوع می‌تواند

IrHC2019

به‌علت بذری بودن لیمو ترش در منطقه جنوب کشور باشد. وجود تنوع در ژرم پلاسم‌های لیموترش مورد مطالعه، می‌تواند به بعنوان اولین گام در برنامه‌های اصلاحی و یا معرفی رقم پس از ارزیابی تعیین تحمل نسبت به عامل بیماری جاروک مورد استفاده قرار گیرد.

References:

Bove, J. M., Danet, J. L., Bananej, K., Hassanzadeh, N.,Taghizadeh, M.,Salehi, M. and Garnier, M. (2000). Witches Broom Disease of Lime (WBDL) in Iran. Fourteenth IOCV Conference, Insect-Transmitted Procaryotes, 14(14): 207- 212.

Davies F.S. and L. G. Albrigo. 1994 .Taxonomy cultivars and breeding, In: Davis, F. S., and Albrigo, L. G. (Eds) Citrus, Wallingford, CAB International, 12- 23.

Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAOSTAT database. 2017. available at http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E.

Golein, B. and Adouli, B. 2011. Citrus (cultivation), NovinPooya. Pp: 160.

Shrestha, R. L., Dhakal, D. D., Gautum, D. M., Paudya, K P. and Shrestha, S. (2012). Variation of physiochemical components of acid Lime (*Citrus aurantifolia* Swingle) fruits at different sides of the tree in Nepal. American Journal of Plant Sciences. 3 (12): 1688- 1692.

Evaluation of some Lime (*Citrus* sp.) genotypes based on morphological traits in the south of Iran

Samaneh Raheb[*1], Morteza Golmohammadi[1], Behrouz Golain[1]

[*1]Researcher, Citrus and Semi-Tropical Fruits Research Institute, Ramsar
[1,1]Assistant Professor and Associate Professor of Citrus and Semi-Tropical Fruits, Ramsar
[*]Corresponding Author: srahebcitrus@yahoo.com

Abstract

In this study, morphological characteristics in leaves, flowers, fruit and seeds of 35 acid lime (*Citrus aurantifolia* Swingle) genotypes from south of Iran were evaluated during two successive years. The cluster analysis using Ward's minimum variance assigned genotypes into three groups. The majority of studied genotypes, about 20 genotypes, were categorized in group 3 (G3). The dissimilarity matrix based on Gower coefficient showed that there was a significant difference in the range between 0.05 and 0.63 among genotypes. The maximum difference was observed between C10 (Mexican lime) and TD9 genotypes and the minimum difference was found among two genotypes from Minab region (MH1 and MH3). The results showed that genotypes was different in morphological characterisics.

Key-words: Acid lime**,** Cluster analysis, Diversity, Flower, Seed.

IrHC2019