ارزیابی ویژگی‌های خشک‌میوه و مغز در ارقام و ژنوتیپ‌های بادام منطقه شمال غرب ایران

محمد زرین‌بال*[۱]، جلیل دژم‌پور[۱]، حسین فتحی[۲] و سید علی موسوی‌زاده[۱]

[۱] اعضای هیئت‌علمی بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان شرقی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تبریز، ایران

[۲] محقق بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان شرقی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تبریز، ایران

*نویسنده مسئول: m.zarrinbal@areeo.ac.ir

چکیده

در این پژوهش تنوع مورفولوژیکی خشک‌میوه و مغز ۳۱ ژنوتیپ بومی منطقه شمال غرب ایران بر اساس ۲۲ صفت کمی و کیفی مورد مطالعه قرار گرفت. تجزیه خوشه‌ای بر اساس برخی از صفات شاخص انجام شد که ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به سه گروه اصلی جدا نمود. از عوامل مهم تفکیک خوشه‌های اصلی صفاتی از جمله طول مغز، عرض مغز، حاصل‌ضرب طول در عرض مغز، درصد مغز، رنگ پوسته چوبی، استحکام پوسته چوبی، وزن خشک‌میوه، وزن مغز، درصد دو مغزی و شکل مغز بادام بودند. ژنوتیپ‌های ALC1812، ALC702، ALC206، ALC907 و رقم نون پاریل که در خوشه دوم قرار گرفتند، درصد مغز بالایی داشته و جزو ژنوتیپ‌های پوست کاغذی محسوب شدند که از نظر آجیلی اهمیت بالایی داشتند. ژنوتیپ‌های ALC1011، ALC1212، ALC123 و رقم فرانیس که در خوشه سوم قرار گرفتند، دارای مغز بزرگ‌تر ولی با پوسته چوبی نسبتاً ضخیم‌تر و سخت‌تری بودند و اگرچه جزو ارقام نیمه‌سنگی بودند ولی به دلیل دارا بودن مغز درشت‌تر، از نظر آجیلی مد نظر بودند. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس میانگین ۱۰ صفت یاد شده، سه مؤلفه اصلی اول در مجموع ۷۷ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند. ژنوتیپ‌هایی با مؤلفه اصلی اول بیشتر دارای ابعاد مغز درشت‌تر، وزن مغز بیشتر و درصد مغز بیشتر (پوست کاغذی) و ژنوتیپ‌های دارای مؤلفه اصلی دوم بیشتر دارای وزن میوه بیشتر، پوسته چوبی ضخیم‌تر و سخت‌تر (سنگی) بودند. نتایج این پژوهش در انتخاب ژنوتیپ‌های امیدبخش و کاربرد آن‌ها در برنامه های به‌نژادی مورد استفاده قرار خواهد گرفت.

واژه‌های کلیدی: **بادام، خشک‌میوه، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه خوشه‌ای**

مقدمه

درخت بادام (*Prunus dulcis* Mill. Syn. *P. amygdalus* L.) از خانواده *Rosaceae* و زیر خانواده *Prunoideae* یکی از مهم‌ترین درختانی است که در مناطق سردسیری و نیمه‌سردسیری ایران کشت می‌شود. رقم‌های اهلی بادام از توده‌های وحشی *Prunus communis* L. در آسیای مرکزی منشأ گرفته‌اند. ایران از مهم‌ترین تولیدکنندگان بادام در جهان می‌باشد و از نظر سطح زیر کشت با ۴۱۲۶۱ هکتار پس از کشورهای اسپانیا و امریکا در رتبه سوم و از نظر میزان تولید با ۸۷۰۰۰ تن پس از کشورهای امریکا، استرالیا، اسپانیا، سوریه و ایتالیا در رتبه ششم جهان قرار دارد (FAO Stat, 2014). مطالعه تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم گیاهی از اهمیت بسزایی برخوردار بوده و گام مهمی در جهت شناسایی، ارزیابی، حفظ و نگهداری ذخایر توارثی و معرفی ارقام جدید در برنامه‌های به‌نژادی به شمار می‌آید (Imani *et al*., 1997). برای پیشبرد این هدف، در ابتدا خزانه ژنتیکی از درختان دارای صفات مطلوب هر منطقه در کلکسیون ژرم‌پلاسم جمع‌آوری شده و سپس با استفاده از روش‌های مناسب به‌نژادی برای گزینش ارقام اقدام می‌شود (Estaji, *et al*., 2013; Rasouli *et al*., 2012). اولین برنامه به‌نژادی بادام در ایران در اواسط دهه ۱۳۵۰ توسط چایچی و همکاران در ایستگاه تحقیقات باغبانی سهند در تبریز آغاز شد و اولین ارقام اصلاح شده بادام دیرگل در سال ۱۳۷۲ توسط وی معرفی شدند. (Dejhampour *et al*., 2006). سپس اسکندری و همکاران دو رقم جدید حاصل برنامه‌های دورگ‌گیری در این ایستگاه تحقیقاتی را معرفی نمودند. دژم‌پور و همکاران (2006) از سال ۱۳۷۴

کلکسیون جدیدی با بیش از ۷۰ ژنوتیپ به همراه چندین رقم خودبارور ایتالیایی را در این ایستگاه احداث کرده و مورد مطالعه قرار دادند (Dejhampour *et al*., 2006).

روش‌های آماری چند متغیره برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم گیاهی و تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی بین افراد استفاده می شوند. از آنجایی که این روش‌ها به‌طور همزمان چندین اندازه‌گیری را مد نظر قرار می‌دهند، لذا در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی بر پایه داده‌های مورفولوژیک، بیوشیمیایی و مولکولی کاربرد وسیعی دارند. از بین این روش‌ها، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه به عامل‌ها کاربرد بیشتری دارند (Salimpour *et al*., 2012; De Giorgio *et al*., 2007). در تجزیه خوشه‌ای، افراد یک خوشه از نظر صفات مورد مطالعه دارای شباهت‌های زیاد ولی افرادی که در خوشه‌های جداگانه قرار می گیرند از نظر آن صفات دارای شباهت‌های کمتری هستند. از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی جهت کاهش حجم متغیرهای اولیه، توصیف و تشریح تنوع کل موجود در یک جامعه، تفسیر بهتر روابط و تعیین سهم صفات در تنوع کل استفاده می‌شود. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، اولین مؤلفه بیشترین تغییرات را در برمی‌گیرد و بعد از آن بیشترین واریانس مربوط به مؤلفه دوم است و آخرین مؤلفه کمترین واریانس را دارد. از این روش بیشتر برای گروه‌بندی ارقام و ژنوتیپ‌ها استفاده می‌شود و در حقیقت به‌عنوان مکمل تجزیه کلاستر است (Chalak *et al*., 2007; Ledbetter *et al*., 2009; Lansari *et al*., 2007). روش‌های آماری چند متغیره برای تفکیک و گروه بندی ژنوتیپ‌های بادام (De Giorgio *et al*., 2007; Ledbetter & Shonnard, 1992) مورد استفاده قرار گرفته‌اند. با توجه به تنوع ژنتیکی گسترده بادام در ایران و اهمیت این محصول از نظر سطح زیر کشت و میزان تولید، پژوهش حاضر به‌منظور مطالعه تنوع مورفولوژیکی و خصوصیات خشک میوه و مغز ژنوتیپ‌های موجود در کلکسیون بادام ایستگاه تحقیقات باغبانی سهند در جهت پیشبرد اهداف به‌نژادی به انجام رسید.

مواد و روش‌ها

این تحقیق طی سال‌های ۱۳۹۰ تا ۱۳۹۳ در ایستگاه تحقیقات باغبانی سهند وابسته به مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان شرقی انجام گرفت. در این آزمایش تعداد ۲۷ ژنوتیپ بومی به همراه چهار رقم تجاری خارجی بادام مورد ارزیابی قرار گرفتند. درختان ۱۲-۱۵ ساله بادام روی پایه بذری با فواصل ۶×۵ متر کاشته شده و به روش آبیاری قطره‌ای آبیاری می‌شدند. تعداد ۳ درخت بالغ برای هر رقم و ژنوتیپ انتخاب شده و تعداد ۵۰ عدد میوه از جهت های مختلف درخت به‌صورت تصادفی برداشت شدند. اندازه‌گیری و ثبت ۲۲ صفت مربوط به خشک میوه و مغز شامل شکل خشک‌میوه، طول خشک‌میوه، عرض خشک‌میوه، طول × عرض خشک‌میوه، طول مغز، عرض مغز، طول × عرض مغز، درصد مغز به پوست، رنگ پوسته چوبی، استحکام پوسته چوبی، وزن خشک‌میوه، وزن مغز، درصد دو مغزی، شکل مغز، اندازه مغز، ضخامت مغز، رنگ مغز، طعم مغز، ضخامت پوسته چوبی، تزئینات روی پوسته چوبی، نرمی و سختی پوسته چوبی و باز شدن پوسته چوبی مطابق با توصیف‌گر بادام (Gulcan, 1985) با اندکی تغییر انجام شد. پس از اندازه‌گیری صفات مورد مطالعه، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای انجام گردید. تجزیه خوشه‌ای و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و ارقام با استفاده از روش وارد[1] با حداقل واریانس و بر مبنای فاصله اقلیدوسی[2] به‌عنوان معیار فاصله استفاده شد و محاسبه فواصل بعد از استاندارد کردن داده‌ها انجام گرفت. برای صفات کمی عدد اندازه‌گیری شده و برای صفات کیفی کد بدست آمده از توصیف‌گر در نرم‌افزار وارد شدند. تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۰ انجام شد.

نتایج و بحث

در تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس میانگین ۱۰ صفت در ۳۱ ژنوتیپ و رقم بادام، سه مؤلفه اصلی اول در مجموع ۷۶/۹۴ درصد از تنوع صفات را توجیه کردند (جدول ۱). مؤلفه اول ۴۷/۱۷ درصد از تنوع کل را تبیین نمود. این مقدار برای مولفه‌های دوم و سوم به ترتیب ۱۸/۹۳ و ۱۰/۸۴ درصد بود. در مؤلفه اول صفات طول مغز، عرض مغز، حاصل‌ضرب طول در عرض مغز، وزن ۱۰ عدد مغز و شکل مغز دارای ضرایب مثبت قابل توجه و در صفت رنگ پوسته چوبی دارای ضریب منفی

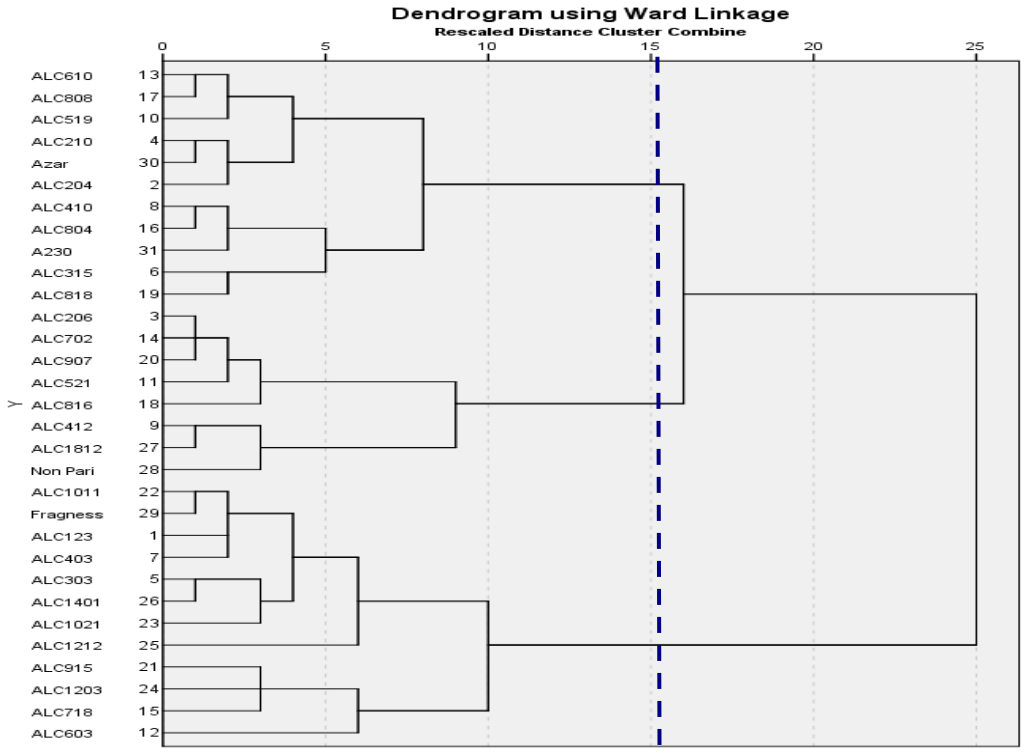
[1] Ward method
[2] Squared Euclidean distance

قابل توجه بودند. در مؤلفه دوم صفات وزن ۱۰ عدد میوه، وزن یک عدد میوه بادام، استحکام پوسته چوبی و شکل مغز از ضرایب مثبت بزرگ برخوردار بودند. بنابراین ژنوتیپ‌هایی با مؤلفه اصلی اول بیشتر دارای وزن مغز بیشتر و ژنوتیپ‌های دارای مؤلفه اصلی دوم بیشتر دارای پوسته چوبی ضخیم‌تر و سخت‌تر (سنگی) بودند. در مؤلفه سوم صفات وزن ۱۰ عدد میوه، وزن ۱۰ عدد مغز، وزن یک عدد میوه بادام، رنگ پوسته چوبی و درصد دو مغزی در جهت مثبت و صفات عرض مغز، حاصل‌ضرب طول در عرض مغز و شکل مغز در جهت منفی نقش داشتند.

جدول ۱- نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی در ۳۱ ژنوتیپ و رقم بادام

صفات	بردارهای ویژه مؤلفه‌ها		
	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم
طول مغز	۰/۸۸۵	۰/۰۸۸	۰/۱۹۷
عرض مغز	۰/۷۹۶	۰/۲۸۵	-۰/۲۰۹
طول × عرض مغز	۰/۹۵۱	۰/۲۰۶	-۰/۰۰۹
وزن ۱۰ عدد خشک‌میوه	۰/۲۸۷	۰/۸۲۴	۰/۴۳۰
وزن ۱۰ عدد مغز	۰/۶۸۵	۰/۲۲۱	۰/۴۷۸
وزن یک عدد خشک‌میوه	۰/۲۸۶	۰/۸۲۲	۰/۴۳۱
رنگ پوسته چوبی	-۰/۲۵۴	۰/۲۲۷	۰/۶۲۶
استحکام پوسته چوبی	۰/۰۲۶	۰/۹۱۹	۰/۱۶۰
درصد دو مغزی	۰/۲۱۳	۰/۰۵۹	۰/۶۰۷
شکل مغز	۰/۳۸۲	۰/۷۰۳	-۰/۲۹۷
واریانس نسبی (٪)	۴۷/۱۷	۱۸/۹۳	۱۰/۸۴
واریانس تجمعی (٪)	۴۷/۱۷	۶۶/۱۰	۷۶/۹۴

تجزیه خوشه‌ای بر اساس میانگین استاندارد شده ۱۰ صفت مورد مطالعه شامل طول مغز، عرض مغز، حاصل‌ضرب طول در عرض مغز، درصد مغز به پوسته چوبی، رنگ پوسته چوبی، استحکام پوسته چوبی، وزن خشک‌میوه، وزن مغز، درصد دو مغزی و شکل مغز بادام و دندروگرام بدست آمده برای میوه‌های ۳۱ ژنوتیپ و رقم بادام در شکل یک نشان داده شده است. برش دندروگرام فوق در فاصله ۱۵ اقلیدوسی، ژنوتیپ‌های تحت مطالعه را به سه گروه تقسیم نمود (شکل ۱). در گروه اول ژنوتیپ‌های ALC610، ALC808، ALC519، ALC210، ALC204، ALC410، ALC804، ALC315، ALC818 به همراه دو رقم آذر و A230 قرار گرفتند. صفات طول مغز، عرض مغز، حاصل‌ضرب طول در عرض مغز، درصد مغز به پوسته چوبی، وزن خشک میوه، وزن مغز، درصد دو مغزی و شکل مغز بادام از میانگین کل کمتر بوده ولی رنگ پوسته چوبی و استحکام پوسته چوبی بیشتری از میانگین کل داشتند. در گروه دوم ژنوتیپ‌های ALC206، ALC702، ALC907، ALC521، ALC816، ALC412، ALC1812 و رقم نون‌پاریل قرار گرفتند. ویژگی درصد مغز به پوسته چوبی به‌طور آشکاری بیشتر از میانگین کل بوده ولی طول مغز، عرض مغز، حاصل‌ضرب طول در عرض مغز، رنگ پوسته چوبی، استحکام پوسته چوبی، وزن خشک‌میوه، وزن مغز، درصد دو مغزی و شکل مغز بادام از میانگین کل کمتر بود. در این گروه به‌طور مشخص ژنوتیپ‌های پوست کاغذی با رنگ پوست روشن و درصد مغز زیاد قرار گرفتند. در گروه سوم ژنوتیپ‌های ALC1011، ALC123، ALC403، ALC303، ALC1401، ALC1021، ALC1212، ALC915، ALC1203، ALC718، ALC603 و رقم فرانیس قرار گرفتند. ویژگی‌های طول مغز، عرض مغز، حاصل‌ضرب طول در عرض مغز، رنگ پوسته چوبی، استحکام پوسته چوبی، وزن خشک‌میوه، وزن مغز، درصد دو مغزی و شکل مغز بادام از میانگین کل بیشتر ولی درصد مغز به پوسته چوبی از میانگین کل کمتر بودند. ژنوتیپ‌های این گروه دارای میوه‌هایی با مغز درشت‌تر ولی با پوسته چوبی سخت‌تری بودند که اگرچه جزو ارقام نیمه‌سنگی هستند ولی به دلیل داشتن مغز درشت‌تر و عملکرد وزنی بیشتر از نظر آجیلی جزو ژنوتیپ‌های بازار پسند به شمار می‌روند.



شکل ۱: دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای صفات مورد مطالعه در ۳۱ ژنوتیپ و رقم بادام

نتایج این تحقیق نشان داد که ارقام و ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بادام از نظر اغلب صفات خشک‌میوه و مغز با یکدیگر تفاوت آشکاری داشتند. با توجه به تنوع چشمگیر در ژرم‌پلاسم بادام منطقه، انتخاب ژنوتیپ‌های مرغوب برای معرفی رقم نیازمند استفاده از روش‌های آماری دقیق و مؤثر می‌باشد. همان‌گونه که در نتایج این پژوهش آمده است، استفاده از روش‌های آماری چند متغیره برای طبقه‌بندی ژرم‌پلاسم بادام مورد مطالعه کاملاً مؤثر بوده و بر اساس صفات مورد بررسی، ژنوتیپ‌های مشابه در گروه‌های نزدیک به هم قرار گرفتند. شناسایی، جمع‌آوری و ارزیابی ژرم‌پلاسم بادام منطقه شمال غرب ایران با توجه به تنوع ژنتیکی زیاد اولین گام در اجرای برنامه‌های به‌نژادی بوده و استفاده از توصیف‌گر بین‌المللی بادام برای مطالعه صفات مورفولوژیکی و ثبت مشخصات ژنوتیپ‌ها و مقایسه آن‌ها با چندین رقم شناخته شده تجاری داخلی و خارجی گام بعدی در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر می‌باشد. بر اساس نتایج این تحقیق ژنوتیپ‌های ALC1812، ALC702، ALC206، ALC907 درصد مغز به پوسته چوبی بالایی داشته و جزو ژنوتیپ‌های پوست کاغذی بودند. همچنین ژنوتیپ‌های ALC1011، ALC1212، ALC123 دارای میوه‌هایی با مغز بزرگ‌تر بوده و اگرچه جزو ارقام نیمه‌سنگی به شمار می‌روند ولی به دلیل دارا بودن مغز درشت‌تر از نظر آجیلی جزو ژنوتیپ‌های مرغوب محسوب شدند. این ژنوتیپ‌ها که از نظر بازارپسندی و آجیلی اهمیت زیادی دارند، به‌عنوان ژنوتیپ‌های امیدبخش محسوب می‌شوند که در برنامه‌های به‌نژادی جهت معرفی ارقام مطلوب مورد استفاده قرار خواهد گرفت.

منابع

Chalak, L., Chehade, A. and Kadir, A. 2007. Morphological characterization of cultivated almonds in Lebanon. Fruits. 62: 177-186.

De Giorgio, D., Leo, L., Zacheo, G. and Lamascese, N. 2007. Evaluation of 52 almond (*Prunus amygdalus* Batsch) cultivars from the Apulia region in Southern Italy. Journal of Horticultural Science & Biotechnology. 82: 541-546.

Dejampour, J. Rahnemoun, H., Hassani, D., 2006. Breeding almond interspecific hybrid rootstocks in Iran. Acta Horticulturae. 726: 45- 50.

Estaji, A., Ebadi, A., Fattahi Moghadam, M. R. and Alifar, M. 2013. Evaluation of the properties of the resulting measures of 50 almond genotypes from crossing between some Iranian superior genotypes and Touno cultivar. Journal of Plant Production. 20: 253-270. (In Persian).

FAO STAT. Retrieved January 21, 2016 from FAO STAT on the World Wide Web: http://www.FAO.STAT.org/STAT/Almond

Gulcan, R. 1985. Descriptor list for almond (*Prunus amygdalus*). (Revised Ed.). International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy.

Imani, A., Talaie, A. R., Vezvaei, A., Majidi, A. and Ghafari, A. R. 1997. Study of influence of some biological and physiological characteristics on yield of selected almond cultivars. Ph. D. Thesis. Department of Horticulture, Faculty of agriculture, Tarbiat Modaress University, Iran. (In Farsi).

Lansari, A., Lezzoni, A.F. and Kester, D.E. 2007. Morphological variation within collections of Moroccan almond clones and Mediterranean and North American cultivars. Euphytica. 78: 27–41.

Ledbetter, C. A. and Shonnard, C. B. 1992. Evaluation of selected almond (*Prunus dulcis* (Miller) D. A. Webb) germplasm for several shell and kernel characteristics. Fruit Variety Journal. 46: 79-82.

Ledbetter, C.A. and Palmquist, D.E. 2009. Comparing physical measures and mechanical cracking products of 'Nonpareil' almond (*Prunus dulcis* [Mill.] D.A. Webb) with two advanced breeding selections. Journal of Food Engineering. 230: 74–134.

Rasouli, M., Fattahi Moghadam, M. R., Zamani, Z., Imani, A. and Ebadi, A. 2012. Genetic relationships between almond cultivars and genotypes assessed by RAPD molecular markers. Modern Genetic Journal. 7(1): 81-100. (In Persian).

Salimpour, A., Ebadi, A., Fattahi Moghadam, M. R. and Bihamta, M. R. 2012. An evaluation of genetic diversity in some almond genotypes using morphological traits. Iranian Journal of Horticultural Sciences. 42(4): 319-327. (In Persian).

Evaluation Nut and Kernel Traits of Almond Cultivars and Genotypes in Northwest of Iran

Zarrinbal[1], M., Dejampour[1], J., Fathi[2], H. and Mousavizadeh[1], S. A.
[1]Scientific Staffs of Horticulture & Crop Research Department, East Azerbaijan Agricultural and Natural Resources Research and Educational Center, AREEO, Tabriz, Iran
[2]Researcher of of Horticulture & Crop Research Department, East Azerbaijan Agricultural and Natural Resources Research and Educational Center, AREEO, Tabriz, Iran
[*]*Corresponding Author: m.zarrinbal@areeo.ac.ir*

Abstract

This study was done to evaluate morphological diversity of 31 almond landrace genotypes in northwest of Iran based on twenty two quantitative and qualitative traits of nut and kernel. Cluster analysis was carried out based on some prominent traits, so devided these genotypes to three main clusters. Some traits include of kernel length, kernel width, kernel length × width, kernel percentage, shell color, shell hardiness, nut weight, kernel weight, tween kernel percentage and kernel shape were important factors for deviding main clusters. "ALC1812", "ALC702", "ALC206", "ALC907" genotypes as well as cultivar "Non-Pariel" that were placed in second cluster, had more kernel percentage as thin shell genotypes, so are important for nut traiding because of their thin shell. "ALC1011", "ALC1212", "ALC123" genotypes as well as cultivar "Fragness" that were placed in third cluster, had greater kernels but thicker and hard shell as some stony nuts, so are important for nut traiding because of their greater kernels. Principal component analysis based on ten mentiond traits revealed that first three principal components described 77% of traits diversity over all. Genotypes with greater first component had greater kernel size, kernel weight and kernel percentage (with thin shell), but genotypes with more second component had more nut weight, thicker and more strong shell (stony nuts). Results of this study will be used for selection of promising genotypes and almond improving programs.

***Keywords*: almond, nut, principal component analysis, cluster analysis**