

برآورد برخی پارامترهای ژنتیکی، ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی برخی صفات کمی ملون‌ها با استفاده از روش هیمن

طاهره جوانمرد*^۱، فروزنده سلطانی^۲، محمدرضا بی‌همتا^۳

* دانشجوی دکترا دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج

^۲ استادیار دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج

^۳ استاد دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج

*نویسنده مسئول: javanmardt@ut.ac.ir

چکیده:

به منظور برآورد وراثت‌پذیری و همچنین برآورد اثرات و پارامترهای ژنتیکی صفات وزن میوه، طول میوه، قطر میوه، طول به قطر میوه، قطر حفره وسط میوه، ضامت گوشت میوه، ضخامت پوست، طول، عرض و ضخامت بذر، وزن صد دانه، و درصد مواد جامد محلول چهار ژنوتیپ ملون، ۲ ژنوتیپ ایرانی (خاتوتی، تاشکندی) به همراه ۲ ژنوتیپ خارجی (آلین و آرکانگا) در یک طرح دی‌آلل کامل تلاقی داده شدند و هیبریدهای بدست آمده در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار کاشت شدند. نتایج جدول تجزیه واریانس صفات مورد نظر براساس روش هیمن نشان داد که برای صفات وزن میوه، طول میوه، ضخامت پوست و طول بذر اثرات افزایشی معنی‌دار بوده و همچنین اثرات افزایشی و انحراف از غالبیت صفت قطر میوه معنی‌دار می‌باشند. آنالیز هیمن نشان می‌دهد که در اکثر صفات اثر افزایشی معنی‌دار هستند و این در حالی است که صفت قطر حفره داخلی توسط اثرات غالبیت کنترل می‌شود. همچنین درجه غالبیت در بیشتر صفات به صورت فوق غالبیت است که این نتایج در نمودار گرافیکی هیمن به اثبات می‌رسد. ضمناً وراثت‌پذیری خصوصی صفات طول میوه، طول بذر و درصد مواد جامد محلول بسیار بالا برآورد شدند و متغیر F در این صفات معنی‌دار است که نشان می‌دهد بیشتر ژن‌ها دارای اثرات افزایشی هستند.

کلمات کلیدی: ملون، تجزیه‌های ژنتیکی، وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی، تجزیه گرافیک

مقدمه

ملون‌ها از محصولات مهم باغبانی هستند. نزدیک به ۵۰ درصد تولید سبزیجات در ایران از خانواده کدوئیان بوده و تولید ملون‌ها در سال ۲۰۱۴ در ایران حدود ۱/۵ میلیون تن بوده است (FAO, 2014). ملون (*Cucumis melo* L.; 2n=2x=24) یکی از محصولات مهم اقتصادی، دگرگشن، گونه‌ای سبزی (صیفی) بوده و حدود ۲۴/۶ درصد (۷۵ هزار هکتار) از سطح زیرکشت گیاهان جالیزی به خربزه و طالبی اختصاص داشته (Akashi et al., 2002) و ایران از این نظر، مقام سوم جهان را پس از چین و ترکیه به خود اختصاص داده است (Fabbriki Ourang et al., 2009). ایران از مراکز مهم تنوع و اهلی شدن ملون‌ها در جهان به شمار می‌رود (Lopez-Sese et al., 2003; Renner et al., 2007) و ملون‌ها جزء ۲۰ محصول با ارزش ایران می‌باشند. همچنین چهار کشور اول تولید کننده ملون به ترتیب چین، ترکیه، ایران و آمریکا هستند که در مجموع ۵۷ درصد از کل تولید ملون دنیا را به خود اختصاص داده‌اند (FAO, 2014).

اطلاع از ساختار ژنتیکی صفات مهم در گیاهان باغی و سبزیجات از جمله ملون‌ها (طالبی و...)، موجب تسهیل در گزینش نتایج مطلوب، تدوین بهترین روش‌های اصلاحی و در نهایت موفقیت برنامه‌های به‌نژادی خواهد شد. دست‌یابی به چنین اطاعتی از طریق طرح‌های تلاقی مانند تلاقی‌های دی‌آلل، تجزیه میانگین نسل‌ها و کاربردهای ژنتیک کمی امکان‌پذیر است. طرح تلاقی دی‌آلل به عنوان روشی مناسب و کارا توسط متخصصین اصلاح نباتات برای شناخت نوع ژن‌ها، تخمین

ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی، اجزای ژنتیکی و وراثت‌پذیری به کار گرفته شده است (Honarnejad and Shoai-Deylami 2004; Tahmasebi et al. 2007; Tousi Mojarad and Ghannadha 2008). این نوع تلاقی از طریق برآورد پارامترهای ژنتیکی مفید برای به‌نژادگر، زمینه انتخاب مناسب‌ترین والدین را جهت بهبود صفات موردنظر فراهم می‌کند (Griffing, 1956). با توجه به اینکه میزان موفقیت در یک برنامه اصلاحی به شناخت نوع عمل ژن‌ها در کنترل ژنتیکی صفات مورد نظر دارد، لذا در این مطالعه هدف برآورد اجزای ژنتیکی، تعیین وراثت‌پذیری و کمک به شناخت والد برتر به منظور استفاده از آن‌ها در برنامه به‌نژادی توده‌های ملون می‌باشد.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه ۴ ژنوتیپ ملون مورد مطالعه به صورتی که ۲ ژنوتیپ ایرانی (خاتوتی، تاشکندی) با صفات مطلوب (عطر و طعم مطلوب ذائقه ایرانی) به همراه ۲ ژنوتیپ خارجی (آلین و آرکانگا) با صفات مطلوب (همرسی، اندازه مناسب و...) انتخاب و مورد بررسی قرار گرفتند. در سال اول این آزمایش کاشت والدین و تلاقی بین ارقام خارجی و ایرانی با صفات دور از هم صورت گرفت و بذر نسل F1 آنها تولید شد و در سال دوم ارزیابی صفات کمی والدین و نسل F1 حاصل از آنها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار اجرا شد و در هر تکرار ۱۰ بوته از هر ژنوتیپ به منظور بررسی صفات وزن میوه، طول میوه، قطر میوه، طول به قطر میوه، قطر حفره وسط میوه، ضامت گوشت میوه، ضخامت پوست، طول، عرض و ضخامت بذر وزن صد دانه، و در صد ماد جامد محلول مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند. از آنجایی که در هیچ‌کدام از صفات مورد مطالعه اثرات اپیستازی معنی‌دار نیست و آزمون تفاوت معنی‌داری از صفر در تمامی صفات معنی‌دار شد و همچنین با توجه به اینکه آزمون تفاوت معنی‌داری از یک در هیچ کدام از صفات معنی‌دار نشد لذا تجزیه ژنتیکی به روش همین انجام گردید.



شکل-۱. نمایی شماتیک از دو تلاقی بین والدین مختلف در یک طرح دی‌آلل

نتایج و بحث

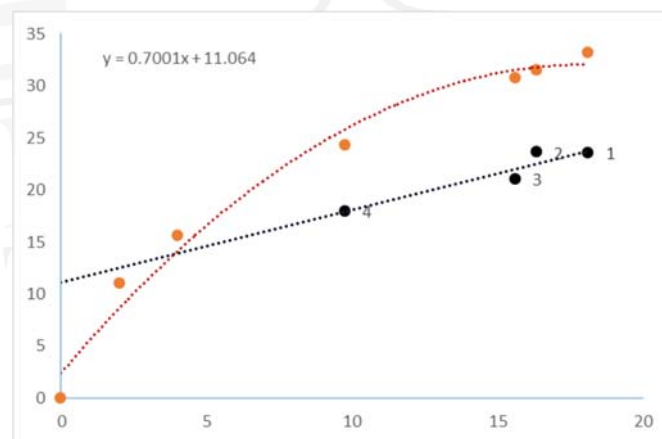
نتایج جدول تجزیه واریانس صفات مورد نظر براساس تلاقی همین نشان داد که برای صفات وزن میوه، طول میوه، ضخامت پوست و طول بذر عامل a معنی‌دار شد یعنی در این صفات اثرات افزایشی معنی‌دار شدند و هیچ کدام از عوامل دیگر معنی‌دار نشدند. برای صفت قطر میوه اثرات افزایشی و انحراف از غالبیت معنی‌دار شدند و صفت ضخامت گوشت نیز علاوه بر اثرات افزایشی توسط اثرات غالبیت نیز کنترل می‌شود. نتایج همچنین نشان داد که صفت عملکرد نیز توسط اثرات غالبیت کنترل می‌شود. برآورد اجزای ژنتیکی در روش همین (جدول-۱) نشان داد که برای صفات وزن و قطر میوه، ضخامت پوست و حفره داخلی واریانس غالبیت معنی‌دار است. متغیر F برای این

صفات معنی دار نیست که نشان می دهد تعداد ژن های کاهشی و افزایشی با هم برابرند. در مورد صفت وزن میوه و ضخامت گوشت نسبت ژن های غالب و مغلوب حدود یک بوده که نشان می دهد ژن های غالب و مغلوب مربوط به این صفات مساوی هستند. همچنین نتایج نشان داد که برای صفات طول میوه، طول بذر و درصد مواد جامد محلول واریانس های افزایشی و غالبیت معنی دار هستند و متغیر F معنی دار نشان داده که نشان می دهد بیشتر ژن ها دارای اثر افزایشی هستند.

جدول-۱. برآورد اجزای ژنتیکی به روش هیمن

نسبت مواد جامد	طول بذر	حفره داخلی	ضخامت پوست	ضخامت گوشت	ضامت گوشت و پوست	نسبت طول به قطر میوه	قطر میوه	طول میوه	وزن میوه	دورگ ها و والدین
۹/۶۷*	۰/۰۲*	۰/۱۸	۰/۰۰۲	۰/۰۲	۰/۱۶*	۰/۶۴*	۰/۰۴	۵۸/۸۳*	۰/۰۵	D(واریانس افزایشی)
۸/۵۵*	۰/۰۲*	۱/۳۹*	۰/۰۲۷*	۰/۳۵	۰/۳۳*	۰/۳۵*	۲/۶۴*	۲۹/۸۶*	۰/۳۲*	H1(واریانس غالبیت)
۵/۴۵*	۰/۰۰۱	۱/۰۶	۰/۰۳۶*	۰/۲۸	۰/۳۳*	۰/۱۵*	۲/۹۷*	۷/۰۳*	۰/۲۲	H2(واریانس غالبیت)
۵/۶۰*	۰/۰۲*	۰/۲۵	۰	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۳۵*	۰	۳۱/۵۱	۰/۰۰۳	F(اثر متقابل اثر افزایشی و غیرافزایشی)
۷/۵۰*	۰	۰/۲۹	۰/۰۰۱	۰/۰۹	۰/۰۳	۰/۰۶*	۱/۱۱	۰	۰/۱۸*	h ² (اثر غالبیت)
۰/۹۴	۰/۸۷	۲/۷۳	۳/۳۷	۳/۶۹	۱/۴۵	۰/۷۴	۷/۹۶	۰/۷۱	۲/۵۴	میانگین درجه غالبیت
۱/۳۵	۰	۰/۲۷	۰/۰۳	۰/۳۲	۰/۱۱	۰/۴۰	۰/۳۷	۰	۰/۸۵	h ² /H2(تعداد گروه های ژنی)
۰/۱۶	۰/۰۲	۰/۱۹	۰/۲۵	۰/۲۰	۰/۲۴	۰/۱۰	۰/۲۵	۰/۰۵	۰/۱۶	H2/4H1(توزیع نسبی ژن های افزایشی و کاهنده در والدین)
۱/۸۹	۲/۲۲	۱/۶۵	۰	۱/۳۱	۱/۰۶	۲/۱۶	۰	۲/۲۰	۱/۰۲	نسبت ژن های غالب و مغلوب در والدین
۰/۶۱	۰/۹۱	۰/۲۶	۰/۲۷	۰/۲۷	۰/۳۸	۰/۸۳	۰/۲۷	۰/۸۷	۰/۴۵	h ² _n (وراثت پذیری خصوصی)

در ادامه، وراثت پذیری خصوصی بسیار بالا برای طول میوه در حدود ۸۷٪ و برای طول بذر ۹۱٪ برآورد شدند که نشان دهنده تأثیر کم محیط روی این صفات است. وراثت پذیری بالا و معنی دار شدن اثر افزایشی در این صفات نشان می دهد که گزینش برای وزن میوه در نسل اولیه می تواند موفقیت آمیز باشد. همچنین تجزیه گرافیکی برای صفت مهم طول میوه نشان می دهد که این صفت تحت تأثیر غالبیت ناقص بوده و والد آرکانگا دارای ژن های غالب بیشتری می باشد (شکل-۲).



شکل-۲. نمودار تجزیه گرافیکی به روش هیمن برای صفت طول میوه

نتایج کلی نشان داد که ژن‌هایی با هر دونوع اثر افزایشی و غیر افزایشی در کنترل صفات نقش دارند، با این حال نقش هریک از این اثرها در کنترل صفات متفاوت است. آنالیز هیمن نشان می‌دهد که در اکثر صفات اثر افزایشی و همینطور اثرات غیرافزایشی نقش دارند و در صفت حفره داخلی اثر غیرافزایشی نقش بیشتری دارد. همچنین درجه غالبیت در بیشتر صفات به صورت فوق غالبیت است که این نتایج در نمودار گرافیکی هیمن هم به اثبات رسید. وراثت پذیری خصوصی در صفات طول میوه، نسبت طول به قطر میوه، طول بذر و نسبت مواد جامد بسیار بالاست. بروس و همکاران در تجزیه دی‌الل صفات کیفی و عملکردی میوه‌های ملون گزارش کردند که صفات تعداد میوه، عملکرد، سفتی گوشت و میزان ماده محلول از طریق اثر ژنی افزایشی و غیرافزایشی کنترل می‌شود و در صفات متوسط وزن میوه، ضخامت گوشت اندازه حفره اثر افزایشی ژن‌ها نقش مهمتری دارد (Barros et al., 2011). اثرات غالبیت و اپیستازی در کنترل میانگین وزن میوه توسط Zalapa et al. (2006) گزارش شد. اثرات غالبیت در صفات وزن میوه، نسبت طول به قطر میوه و نسبت مواد جامد معنی‌دار شد. همچنین میانگین درجه غالبیت در تمامی صفات مورد بررسی به جز صفات طول میوه، نسبت طول به قطر میوه و طول بذر بالای یک بود. درجه غالبیت کمتر از یک برای این صفات نشانگر اثر غالبیت نسبی ژن‌ها برای این صفات بود که اثر غالبیت نسبی ژن‌ها توسط Feyzian et al. (2009) برای کنترل صفات در ملون نیز گزارش شد. در پژوهشی دیگر نیز هفت رقم خربزه شامل ۶ رقم محلی ایرانی و یک رقم خارجی در قالب طرح دی‌آلل دو طرفه تلاقی داده شدند و در این مطالعه زمان رسیدگی، وزن متوسط هر میوه، عملکرد و عملکرد قابل قبول در شرایط هرس در طی دو فصل کشت نشان داد که اثر افزایشی ژن‌ها در کنترل میانگین وزن میوه عملکرد بیشتر گزارش شد، در حالی که صفات رسیدگی و عملکرد قابل قبول اثرات غالبیت و اپیستازی بیشتری داشتند (Feyzian et al. 2009).

منابع

- Akashi, Y., Fukuda, N., Wako, T., Masuda, M. and Kato, K. 2002. Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons, *Cucumis melo* L., based on the analysis of five isozymes. *Euphytica*, 125, 385-396.
- Barros, A. K., Nunes, G.H., Queiróz, M. A., Pereira, E. W. and Costa Filho, J. H. 2011. Diallel analysis of yield and quality traits of melon fruits. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 11:313-319.
- FAO. 2014. FAOSTAT. agricultural database. <http://apps.fao.org>.
- Feyzian, E., Dehghani, H., Rezai, A. M. and Jalali Javaran, M. 2009. Diallel cross analysis for maturity and yield-related traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Euphytica*, 168(2), 215-223.
- Honarnejad, R. and Shoai-Deylami, M. 2004. Gene effects combining ability and correlation of characteristics in F2 populations of burley tobacco cultivars (*Nicotiana tabacum* L.). *Journal of Crop Production and Processing* 8:135-148. (In Farsi)
- Renner, S. S., Schaefer, H. and Kocyan, A. 2007. Phylogenetics of *Cucumis* (Cucurbitaceae): Cucumber (*C. sativus*) belongs in an Asian/ Australian clade far from melon (*C. melo*). *BMC Evolutionary Biology*, 7, 58-69.
- Tahmasebi, S., Khodambashi, M. and Rezai, A. 2007. Estimation of genetic parameters for grain yield and related traits in wheat using diallel analysis under optimum and moisture stress conditions. *Journal of Crop Production and Processing* 11:229-241. (In Farsi)
- Tousi Mojarad, M. and Ghannadha, M. R. 2008. Diallel analysis for estimation of genetic parameters in relation to traits of wheat height in normal and drought conditions. *Journal of Crop Production and Processing* 12:143-155 (In Farsi).
- Zalapa, J. E., Staub, J. E. and McCreight, J. D. 2006. Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. *Plant Breeding*, 125(5), 482-487

Estimation of Some Genetic Parameters, General and Specific Combinations of Some Quantitative Traits of Melons Using the Hayman Method

Tahereh Javanmard^{1*}, Forouzandeh Soltani², Mohammad Reza Bihamta³

^{1*} PhD student, Faculty of Science and Agricultural Engineering, University of Tehran, Karaj

² Assistant Professor, Faculty of Science and Agricultural Engineering, University of Tehran, Karaj

³ Professor, Faculty of Science and Agricultural Engineering, University of Tehran, Karaj

*Corresponding Author: javanmardt@ut.ac.ir

Abstract

In order to estimate the heritability and also the effects and genetic parameters of characteristics such as: fruit weight, fruit length, fruit diameter, length to diameter of fruit, internal cavity diameter, flesh width, skin width, length, width and thickness of the seeds, the 100-gran weight, and TSS of four melon genotypes, two Iranian genotypes (Khatoni, Tashkandi) and two foreign genotypes (Alien and Arkanga), crossed in a full diallel design and obtained hybrids were cultivated in a randomized complete block design with 3 replications. The results of analysis of variance of the traits based on Hayman method showed that the additive effect is significant for fruit weight, fruit length, skin width and seed length and also additive effects and deviation from dominance of fruit diameter are significant. Hayman analysis showed that additive effects are significant in most of the traits and this is while the internal cavity is controlled by dominance effects. Also, Degree of dominance in most of the traits is super dominance that is showed in Hayman graphic charts. Meanwhile specific heritability of fruit length, seed length and TSS was very high, and variable F was significant in these traits, which shows that most of the genes have additive effects.

Keywords: Melon, Genetic analysis, general and specific inheritance, graphic analysis

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