

ارزیابی تنوع ژنتیکی گلابی وحشی در استان ایلام و مقایسه آنها با برخی ارقام گلابی *Pyrus communis*جواد عرفانی مقدم^{۱*}، فردین قنبری^۲، سعدالله اکبری^۳

۱- استادیار گروه علوم باغبانی دانشگاه ایلام. ۲- مدرس مدعو گروه علوم باغبانی دانشگاه ایلام. ۳- کارشناس گروه علوم باغبانی، دانشگاه ایلام.

*نویسنده مسئول: j.erfani@ilam.ac.ir

چکیده

گلابی یکی از محصولات مهم میوه در خانواده گلسرخیان است که در حدود ۵۰ کشور در مناطق معتدله مورد کشت و کار قرار می گیرد. شناسایی و بررسی تنوع ژنتیکی، اولین مرحله برای دستیابی به ارقام مطلوب و اصلاح ژنتیکی آن در این محصول است. این تحقیق به منظور ارزیابی وجود منابع ژنتیکی گلابی در استان ایلام و مقایسه آنها با برخی ارقام تجاری گلابی از گونه *P. communis*، صورت گرفته است. بدین منظور این تحقیق برای مقایسه بین ۳ گونه مختلف از ژنوتیپ های وحشی گلابی استان ایلام با برخی ارقام تجاری گونه های اروپایی بر اساس صفات کمی و کیفی برگ و میوه در گروه باغبانی دانشگاه ایلام انجام شد. در این بررسی تجزیه کلاستر به روش وارد (Ward) و با استفاده از تمام صفات مورد بررسی صورت گرفت. نتایج به دست آمده از تجزیه کلاستر، ژنوتیپ های مورد بررسی را به دو گروه اصلی تقسیم کرد به طوری که گونه های وحشی و ارقام اروپایی در گروه های جداگانه قرار گرفتند. نتایج تجزیه همبستگی ساده صفات، نشان داد که صفات مرتبط با برگ از جمله طول پهنک و عرض پهنک دارای همبستگی مثبت و معنی داری با صفات مرتبط با میوه مانند وزن میوه و اندازه میوه دارد. نتایج تجزیه به عامل های اصلی نشان داد، ۷ عامل اصلی نزدیک به ۸۸٪ از واریانس کل را توجیه می کند. در بین عامل ها، فاکتور اول و دوم که بیش تر مربوط به صفات کمی مرتبط با میوه و برگ بود نزدیک به ۵۰٪ واریانس را توجیه کرده است.

کلمات کلیدی: گلابی وحشی، منابع ژنتیکی، صفات مورفولوژیک، آنالیز کلاستر

مقدمه

گلابی بعد از انگور و سیب یکی از مهم ترین میوه های مناطق معتدله است (Oliveira et al. 1999) و به لحاظ اندازه، شکل، بافت و طعم، تنوع زیادی در آن وجود دارد. جنس *Pyrus* دارای حداقل ۲۴ گونه شناخته شده اولیه است که همه آنها بومی آسیا، اروپا و نواحی کوهستانی شمال آفریقا هستند (Bell et al. 1996., Hancock and Lobos, 2008). گلابی یک گیاه دگرگشن است و همین مسئله منجر به بوجود آمدن سطح بالایی از هتروزیگوتی و تنوع آلی در این جنس شده است. در طی دهه های گذشته تلاش های بسیاری صورت گرفته است تا ارزیابی تنوع ژنتیکی در گلابی های اروپایی و آسیایی و سایر گونه های جنس *Pyrus* با استفاده از مارکرهای مورفولوژیک، بیوشیمیایی و DNA تعیین گردد. روش های سنتی ارزیابی ارقام بر اساس صفات مورفولوژیک معمولاً برای شناسایی ارقام داخل یک گونه استفاده می شود (Cantini et al. 1999., Barranco and Rallo, 2000)، اگرچه بیان آنها به شدت تحت اثر محیط، سن درخت، سیستم تربیت و مراحل فنولوژیک گیاهان قرار می گیرد (Rotondi et al., 2003). ایران با بیش از ده گونه از جنس *Pyrus* و نزدیکی به مراکز تنوع گلابی به عنوان یکی از منابع مهم ژنتیکی گلابی دنیا شناخته شده است و مطالعه ژرم پلاسما های گلابی کشور به منظور شناسایی ارقام مناسب برای توسعه و کشت و کار آنها امری ضروری به نظر می رسد. همچنین حفاظت از منابع ژنتیکی که گاهی اوقات به نام اولین منبع از منابع طبیعی در کره زمین خوانده می شود از اهمیت خاصی برخوردار است. حفاظت از ذخایر ژنتیکی مستلزم جمع آوری ژرم پلاسما است و استفاده از آنها در برنامه های اصلاح گلابی می تواند برای دستیابی به ارقام جدید حائز اهمیت باشد.

مواد و روش‌ها

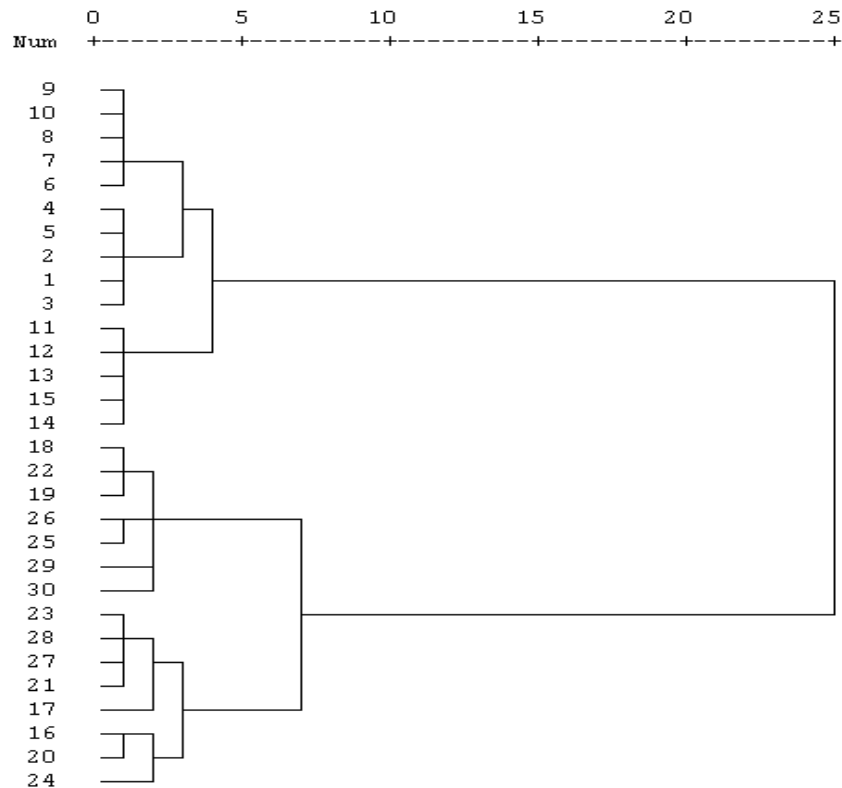
این پژوهش در گروه علوم باغبانی دانشگاه ایلام انجام شد. بررسی تنوع ژنتیکی بین ۱۵ نمونه گلابی وحشی از ۳ گونه مختلف که در منطقه شاران و گلدره استان ایلام جمع آوری گردید با برخی ارقام تجاری از گونه *P. communis*، با صفات مورفولوژیکی مربوط به برگ و میوه صورت گرفت (جدول ۱). صفات مربوط به برگ، شاخه و میوه براساس دیسکریپتور (UPOV, 2000) ارزیابی شدند. برای ارزیابی صفات مرتبط با برگ از هر ژنوتیپ ۱۵ برگ به طور تصادفی در سه تکرار انتخاب و صفات مربوط برای آنها ثبت شد. برای ارزیابی صفات مرتبط با میوه از هر ژنوتیپ ۱۰ میوه به طور تصادفی در سه تکرار انتخاب و صفات مربوط برای آنها همچنین ثبت گردید. تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از نرم افزار Excel و SPSS صورت گرفت.

جدول ۱- لیست ارقام گلابی مورد استفاده در این تحقیق

کد	نام	کد	نام	کد	نام	کد	نام	کد	نام
۱	<i>P. amygdaliformis</i>	۷	<i>P. glabra</i>	۱۳	<i>P. syriaca</i>	۱۹	شاهک	۲۵	دم کج سبز
۲	<i>P. amygdaliformis</i>	۸	<i>P. glabra</i>	۱۴	<i>P. syriaca</i>	۲۰	سبری	۲۶	دم کج زرد
۳	<i>P. amygdaliformis</i>	۹	<i>P. glabra</i>	۱۵	<i>P. syriaca</i>	۲۱	محمد علی	۲۷	پیغمبری
۴	<i>P. amygdaliformis</i>	۱۰	<i>P. glabra</i>	۱۶	درگری	۲۲	خوج	۲۸	فلسطینی
۵	<i>P. amygdaliformis</i>	۱۱	<i>P. syriaca</i>	۱۷	بارتل	۲۳	بیروتی	۲۹	اسپادونا
۶	<i>P. glabra</i>	۱۲	<i>P. syriaca</i>	۱۸	شاه میوه	۲۴	نطنزی	۳۰	سیف تبریز

نتایج و بحث

در بین صفات مورد بررسی بیشترین ضریب تنوع مربوط به صفات مرتبط به میوه از جمله وزن میوه، اندازه میوه، وضعیت وجود خار در درخت بود در حالی که کمترین ضریب تنوع مربوط به صفات مرتبط وضعیت گوشوارک دم برگ، وضعیت وجود کرک در برگ حفره انتهایی میوه، موج محور طولی برگ و موقعیت بیشترین عرض برگ بدست آمد. در بین کل ژنوتیپ‌ها، دم کج زرد یکی از زودرس‌ترین نمونه مورد مطالعه بود. حداقل و حداکثر وزن میوه در ژنوتیپ‌ها به ترتیب ۱۴ و ۱۷۶ گرم با ضریب تنوع ۸۲/۵۵٪ برآورد شد. نتایج همبستگی بین برخی صفات کمی برآورد شد و همبستگی مثبت و خاصی بین آنها وجود دارد. صفات مرتبط با برگ از جمله طول و عرض پهنک دارای همبستگی مثبت و معنی داری با صفات مرتبط با میوه مانند وزن و اندازه میوه هستند. همبستگی بالای بین صفات این امکان را ایجاد می‌کند تا از طریق اندازه گیری هر یک به وضعیت صفت دوم پی ببریم. وزن میوه همبستگی منفی با مقدار قند و اسید داشت. به نظر می‌رسد وزن میوه بیشتر و عملکرد بالاتر باعث کاهش درصد قند و اسید و همچنین نسبت بین آنها می‌شود. در ارقام با عملکرد بالا کربوهیدرات کمتری برای ذخیره سازی قند مصرف و اکثر ترکیبات فتوسنتزی صرف عملکرد میوه می‌شود. نسبت قند به اسید بالا یک صفت مطلوب برای میوه است و وجود همبستگی مثبت میان آن با درصد قند و همبستگی منفی با درصد اسید می‌تواند بسیار مطلوب باشد. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان داد که ژنوتیپ‌ها در فاصله ۲۵ به ۲ گروه اصلی شامل گونه‌های وحشی و گونه اروپایی تقسیم شدند (شکل ۱).



شکل ۱- گروه بندی ۳۰ ژنوتیپ و رقم گلابی بر اساس روش ward

تقدیر و تشکر

مواد گیاهی گلابی های اروپایی از استاد گرامی جناب آقای دکتر عبداللهی از موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شد و نگارندگان کمال تقدیر و تشکر را از ایشان دارند.

منابع

- Oliveira CM., Mota M., Monte-Corvo L., Goulão L. and Silva DM. 1999. Molecular typing of Pyrus based on RAPD markers. *Scientia Horticulturae* 79: 163-174.
- Bell, R. L., Quamme, H. A., Layne, R. E. C. & Skirvin, R. M. 1996. Pears. In: J. Janick & J. N. Moore (Eds.), *Fruit Breeding, Volume I: Tree and Tropical Fruits*, pp. 441-514. John Wiley & Sons, Inc.
- Hancock JF. and Lobos GA. 2008. Pears. In: Hancock JF (Eds.): *Temperate fruit crop breeding*. Springer. 299-335.
- Barranco D. and Rallo L. 2000. Olive cultivars in Spain. *Hort Technology* 10: 107-110.
- Cantini C., Cimato A. and Sani G. 1999. Morphological evaluation of olive germplasm present in Tuscany region. *Euphytica* 109: 173-181.
- Rotondi A., Magli M., Ricciolini C. and Baldoni L. 2003. Morphological and molecular analyses for the characterization of a group of Italian olive cultivars. *Euphytica* 132: 129-137.

Evaluation of genetic diversity of wild pear in Ilam and their comparing with some pear cultivars from *Pyrus communis*

Javad Erfani moghadam^{1*}, Fardin Ghanbari² and Sadollah Akbari³

¹Assistant professor of Department of Horticulture Sciences, Ilam University

²Visiting lecture of Department of Horticulture Sciences, Ilam University

³Laboratory staff, Department of Horticulture Sciences, Ilam University

*Corresponding author:

E-mail address: j.erfani@ilam.ac.ir

Abstract

Pears (*Pyrus* spp.) belong to the Rosaceae family, which have been cultivated for more than 3000 years. Pears are among the most important fruits in all the temperate regions in about 50 countries of the world. Identification and assessment of genetic diversity of pear, is the first step to achieving desirable cultivars and pear breeding. The objectives of this study were to evaluation of pear genetic diversity in Ilam and their comparing with commercial cultivars belonged to *P. communis*. This work was started in university of Ilam for comparing among three wild pears collected from Ilam and some commercial pear cultivars based on qualitative and quantitative characteristic of leaf and fruit. In this study genotypes were classified according to their characteristics and Ward's method. Results derived from cluster analysis divided the genotypes into two main groups including European and wild species. Results of simple correlation analysis showed that leaf blade length and width have positive correlation with fruit weight and size. Results of factor analysis indicated that seven main factors indicated 88% of total variance. First and second factors that were related to leaf and fruit characteristics, described nearly up to 50% of variance.

Keywords: Wild pear, Genetic resource, Morphological traits, Cluster analysis