

ارزیابی تنوع ژنتیکی، همبستگی و وراثت پذیری عمومی صفات مختلف در برخی توده‌های ملون ایرانی
 محمود رقامی¹، محمدرضا حسندخت²، ذبیح‌الله زمانی³، محمدرضا فتاحی مقدم²، عبدالکریم کاشی³
 1- استادیار گروه علوم باغبانی دانشگاه ولیعصر رفسنجان، 2و3- به ترتیب دانشیاران و استادان دانشگاه تهران.

چکیده

به منظور ارزیابی میزان اهمیت و روابط بین صفات مختلف، وجود تنوع ژنتیکی و میزان وراثت‌پذیری عمومی و بازده ژنتیکی صفات در ملون‌های ایران، 18 توده از گروه‌های خربزه، طالبی و دستنبو در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار کشت شد. نسبت تنوع ژنوتیپی به محیطی در همه صفات به جز صفات درصد وزن خشک و درصد قند میوه بالا بود. با توجه به وراثت‌پذیری بالای همراه با بازده ژنتیکی زیاد برای صفات تعداد میوه در بوته، ضخامت گوشت، طول و وزن میوه، می‌توان آن‌ها را شاخص‌های گزینش برای افزایش عملکرد در گروه خربزه دانست اما در گروه طالبی، گزینش برای صفت تعداد میوه راهکار مناسب‌تری برای افزایش عملکرد به نظر می‌رسد. به‌طور کلی صفات تعداد میوه، وزن و طول میوه و طول بذر می‌تواند مهم‌ترین صفات کمی برای گزینش موثر در ملون‌های ایران باشد. صفت عملکرد همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفات وزن، طول و عرض میوه، ضخامت گوشت، قطر حفره، طول دانه، وزن صد دانه و قطر طوقه در سطح احتمال 1٪ داشت. با توجه به مدل رگرسیون به‌دست آمده، دو صفت وزن میوه و قطر حفره بیشترین تاثیر را بر متغیر عملکرد داشتند. بر اساس تجزیه فاکتور صفات، سه عامل حدود 75 درصد تنوع ژنتیکی را تبیین کرد. در عامل نخست (54٪)، صفات وزن و عرض میوه، قطر حفره، ضخامت گوشت، طول دانه، وزن صد دانه، قطر طوقه و عملکرد متغیرهای قوی‌تری در توجیه تنوع ژنتیکی بودند.

واژه‌های کلیدی: خربزه، طالبی، دستنبو، بازده ژنتیکی، تجزیه فاکتور

مقدمه

ملون‌ها (*Cucumis melo L.*) گروهی از گیاهان جالیزی مهم در دنیا (با بیش از 25 میلیون تن تولید سالیانه) هستند. ایران با سطح زیر کشت بیش از 75000 هکتار و تولید 1/31 میلیون تن در سال 2010 سومین تولیدکننده عمده دنیا بوده است (FAOSTAT, 2010). خربزه، طالبی و دستنبو گروه‌های مختلف از یک گونه‌اند که دگرگشن بوده و با هم تلاقی می‌یابند. ملون‌ها از حدود سده سوم پیش از میلاد در ایران کشت می‌شده‌اند و از آنجا به اروپا گسترش یافته‌اند (Walters, 1989). در مورد خاستگاه ملون‌ها تردیدهایی وجود دارد اما در بیشتر منابع آفریقا عنوان شده است (Robinson & Decker-Walters, 1997)، اگرچه اخیراً پژوهش‌های سیستماتیک مولکولی نشان داده است که احتمالاً آسیا منشأ تنوع بوده و از آنجا به آفریقا برده شده است (Renner et al., 2007). تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم ملون‌های ایران به دلیل شرایط محیطی گوناگون حاکم بر آن بالا است. خربزه‌های ایرانی از دیگر ملون‌های متعلق به گروه اینودوروس از نظر مشبک بودن پوست و شکل میوه متمایز هستند (Lotfi & Kashi, 1999). برای بهره‌مندی از تنوع موجود و ایجاد تغییرات جدید، ارزیابی ژرم‌پلاسم‌ها ضروری است. تنوع مورفولوژیک زیادی در گونه‌های ملون گزارش شده است که عمدتاً به صفات میوه و بذر مربوط است (Stepansky et al., 1999). بررسی روابط بین صفات و نیز همبستگی بین آن‌ها در گزینش ژنوتیپ‌های برتر کمک می‌کند و در تعیین بهترین روش به‌نژادی با ارزش است. پژوهش حاضر برای ارزیابی میزان اهمیت و روابط بین صفات، بررسی وجود تنوع و میزان وراثت‌پذیری عمومی و بازده ژنتیکی صفات در توده‌های ملون ایرانی انجام شد.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در مرکز تحقیقات گروه علوم باغبانی دانشگاه تهران اجرا شد. هجده توده شامل یازده توده خربزه (خاتونی، میرپنجی، سوسکی سبز، زرد ایوانکی، تاشکندی، قصری، آق خرچه و چهار توده از بانک ژن)، دو توده طالبی (گرمک کرمان و طالبی گلپایگان) و پنج توده دستنبو (کرمان 1 و 2، آران و کرمانشاه 1 و 2) در قالب طرح آماری بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار کشت شد. اندازه‌گیری‌ها در 15 صفت شامل عملکرد در هر بوته، تعداد روز تا رسیدگی نخستین میوه، تعداد میوه در بوته، وزن متوسط میوه، طول و عرض میوه، قطر حفره وسط میوه، ضخامت گوشت، اندازه بذر، تعداد بذر در میوه، وزن صد بذر، درصد قند میوه، درصد ماده خشک میوه، سفتی گوشت و قطر طوقه انجام شد. واریانس فنوتیپی، ژنوتیپی و محیطی بر اساس تجزیه واریانس طرح و فرمول‌های زیر محاسبه شد:

$$\delta^2g = \frac{MSP - Mse}{r} \quad \delta^2e = MSe \quad \delta^2p = \delta^2g + \delta^2e$$

ضرایب تنوع ژنوتیپی، فنوتیپی، محیطی، وراثت‌پذیری عمومی و بازده ژنتیکی نیز با کاربرد رابطه‌های زیر به کمک نرم‌افزار Excel

$$h^2 = \frac{\delta^2g}{\delta^2p} \quad CVe = \frac{\sqrt{\delta^2e}}{\bar{x}} \times 100 \quad GA = K[\delta^2p]h^2 \quad CVp = \frac{\sqrt{\delta^2p}}{\bar{x}} \times 100 \quad CVg = \frac{\sqrt{\delta^2g}}{\bar{x}} \times 100$$

محاسبه شد: در روابط بالا δ^2g واریانس ژنتیکی، δ^2p واریانس فنوتیپی، δ^2e واریانس محیطی و CVp ، CVe ، CVg ، به ترتیب ضرایب تنوع ژنتیکی، محیطی و فنوتیپی، h^2 وراثت‌پذیری عمومی، GA بازده ژنتیکی، δ_p انحراف معیار فنوتیپی و K دیفرانسیل‌گزینش استاندارد شده است. تجزیه واریانس داده‌ها با نرم‌افزار MSTATC انجام شد. ضرایب همبستگی بین صفات، رگرسیون چندگانه به روش گام به گام و تجزیه فاکتور بر اساس تحلیل مولفه‌های اصلی با نرم‌افزار SPSS (ver. 17) محاسبه گردید.

نتایج و بحث

بین توده‌ها از نظر تمام صفات ارزیابی شده تفاوت معنی‌داری در سطح یک درصد مشاهده شد. به این ترتیب به نظر می‌رسد این صفات دارای تنوع بالایی بین توده‌های بررسی شده بودند.

همبستگی صفات: نتایج حاصل از همبستگی فنوتیپی میان صفات نشان داد که بین عملکرد با وزن میوه، طول میوه، عرض میوه، ضخامت گوشت، قطر حفره بذر، طول دانه، وزن صد دانه و قطر طوقه در سطح احتمال 1 درصد ارتباط مثبت و معنی‌داری وجود دارد، که نشان می‌دهد با افزایش در میزان صفات فوق عملکرد نیز افزایش می‌یابد. تعداد میوه با تمامی صفات دیگر (به جز درصد وزن خشک میوه) همبستگی منفی و معنی‌داری داشت. با توجه به همبستگی منفی و شدید تعداد میوه و وزن میوه ($r = -0/749$) با گزینش برای افزایش میوه، وزن میوه‌ها کاهش می‌یابد. صفات درصد وزن خشک و درصد قند با هیچ یک از صفات بررسی شده رابطه معنی‌داری نداشتند اما با همدیگر همبستگی مثبت و معنی‌داری ($r = 0/689$) داشتند.

تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی: در همه صفات بررسی شده در پژوهش حاضر، ضریب تنوع فنوتیپی از ضریب تنوع ژنتیکی بیشتر بود (جدول 1) که بیانگر تاثیر عوامل محیطی بر صفات بررسی شده داشت، اما مقدار تاثیر اندک بود. بیشترین ضریب تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی به ترتیب در صفات طول بذر، تعداد میوه در بوته و وزن میوه مشاهده شد. نسبت تنوع ژنوتیپی به محیطی در همه صفات به جز صفات درصد وزن خشک میوه و درصد قند بالا بود. هرچه نسبت تنوع ژنوتیپی به محیطی بیشتر باشد، امیدواری بهبود صفت برای تولید برتر بیشتر است. مقادیر وراثت‌پذیری عمومی برای همه صفات ارزیابی شده به جز دو صفت درصد قند ($0/67$) و درصد وزن خشک میوه ($0/63$)، زیاد بود که نشان‌دهنده وراثت‌پذیری عمومی بالا و اثر کم محیط روی بیشتر صفات است. با توجه به همبستگی

بالا و مثبت این صفات با عملکرد، گزینش برای آن‌ها در نسل نخست کارایی زیادی برای افزایش عملکرد دارد. فیضیان و همکاران (1388) راهکار مناسب برای افزایش عملکرد در گروه خربزه را استفاده از شاخص‌های ضخامت گوشت، عرض میوه و وزن میوه دانسته است که با توجه به یافته‌های ما تایید می‌گردد. طبق نتایج ما راهکار مناسب در گروه طالبی، می‌تواند گزینش برای تعداد میوه در بوته باشد. بیشترین بازده ژنتیکی مورد انتظار در صفات طول بذر (242)، تعداد میوه در بوته (161/8)، میانگین وزن میوه (96/1) و طول میوه (77/7) دیده شد. وراثت‌پذیری همراه با بازده ژنتیکی معیار مفیدتری در پیش‌بینی اثر منتج از گزینش برترین افراد است. وراثت‌پذیری زیاد همراه با بازده ژنتیکی بالا برای صفات تعداد میوه در بوته، وزن میوه، طول میوه و طول بذر به‌دست‌آمد. بنابراین گزینش فنوتیپی در این صفات بهبود آن‌ها را به‌دنبال خواهد داشت. بر اساس یافته‌های ما، صفات تعداد میوه، وزن میوه، طول میوه و طول بذر می‌تواند به‌عنوان مهم‌ترین صفات کمی برای یک گزینش موثر در ملون‌های ایران در نظر گرفته شود.

جدول 1- مقادیر ضریب تنوع ژنوتیپی، فنوتیپی، محیطی، نسبت تنوع ژنوتیپی به محیطی، وراثت‌پذیری عمومی و بازده ژنتیکی در

صفات ارزیابی‌شده 18 توده ملون ایرانی

| GA in % mean ⁸ of | GA (K=10%) 7 | GA (K=5%) 6 | $^5CV_g/CV_e$ | $^4h^2_{bc}$ | 3CV_e | 2CV_p | 1CV_g | صفت |
|---------------------------------|--------------------|-------------------|---------------|--------------|----------|----------|----------|---|
| 96/1 | 2/50 | 2/94 | 4/61 | 0/95 | 11/78 | 55/68 | 54/42 | وزن میوه (کیلوگرم) |
| 77/7 | 19/49 | 22/93 | 5/91 | 0/97 | 7/59 | 45/57 | 44/94 | طول میوه (سانتیمتر) |
| 42/1 | 6/45 | 7/59 | 6/37 | 0/97 | 3/88 | 25/05 | 24/75 | عرض میوه (سانتیمتر) |
| 42/4 | 3/62 | 4/25 | 3/95 | 0/93 | 6/30 | 25/73 | 24/95 | قطر حفره بذر (سانتیمتر) |
| 52/5 | 1/68 | 1/98 | 4/11 | 0/94 | 7/52 | 31/85 | 30/95 | ضخامت گوشت (سانتیمتر) |
| 161/8 | 7/22 | 8/49 | 16/55 | 0/96 | 5/57 | 92/54 | 92/37 | تعداد میوه در بوته |
| 26/2 | 1/64 | 1/94 | 1/32 | 0/63 | 14/22 | 23/60 | 18/83 | درصد وزن خشک میوه |
| 23/6 | 1/62 | 1/91 | 1/43 | 0/67 | 11/45 | 20/08 | 16/49 | درصد قند میوه |
| 46/6 | 296/4 | 348/8 | 5/47 | 0/96 | 4/94 | 27/48 | 27/04 | تعداد بذر در میوه |
| 242/0 | 3/34 | 3/93 | 6/57 | 0/97 | 21/22 | 141/2 | 139/6 | طول بذر (سانتیمتر) |
| 7/0 | 0/407 | 0/47 | 4/34 | 0/94 | 0/94 | 4/20 | 4/09 | وزن صد بذر (گرم) |
| 20/0 | 0/49 | 0/58 | 2/31 | 0/84 | 5/46 | 13/76 | 12/63 | قطر طوقه (سانتیمتر) |
| 16/8 | 14/09 | 16/58 | 8/54 | 0/98 | 1/13 | 9/73 | 9/66 | روز تا رسیدن نخستین میوه |
| 55/3 | 3/86 | 4/54 | 2/88 | 0/89 | 11/56 | 35/32 | 33/37 | سفتی بافت میوه (kg/cm ²) |

| | | | | | | | | |
|-----------------------------|-------|-------|------|------|------|------|------|------|
| عملکرد در بوته (کیلوگرم) | 32/08 | 32/26 | 3/44 | 0/98 | 9/32 | 4/49 | 3/81 | 55/9 |
|-----------------------------|-------|-------|------|------|------|------|------|------|

¹ ضریب تنوع ژنوتیپی، ² ضریب تنوع فنوتیپی، ³ ضریب تنوع محیطی، ⁴ وراثت پذیری عمومی، ⁵ نسبت تنوع ژنوتیپی به محیطی، ^{6,7} بازده ژنتیکی برای به ترتیب 5 و 10 درصد گزینش، ⁸ بازده ژنتیکی به صورت درصد میانگین.

تجزیه رگرسیون گام به گام: به منظور افزایش کارایی گزینش از طریق انتخاب چند صفت به عنوان شاخص گزینش و تعیین صفات موثر در تغییرات عملکرد از تحلیل رگرسیون به روش گام به گام استفاده شد. مدل رگرسیونی به دست آمده از نظر آماری در سطح احتمال 1٪ معنی دار بود و طبق نتایج (جدول 2) صفت وزن میوه به تنهایی 79/5 درصد از تغییرات عملکرد را تبیین نمود. با ورود صفت قطر حفره بذر دقت مدل در تبیین واریانس عملکرد به مقدار 7/8 درصد افزایش یافت و در مجموع 87/3 درصد از تغییرات عملکرد را توجیه نمود. دو صفت وزن میوه و قطر حفره بذر بیشترین تاثیر را در متغیر عملکرد داشتند، که با بررسی ضریب همبستگی آن‌ها با عملکرد (0/892 در گام اول برای متغیر وزن میوه و 0/934 در گام دوم با وارد شدن متغیر قطر حفره بذر) چنین نتیجه‌ای قابل انتظار بود.

جدول 2- نتایج رگرسیون گام به گام برای عملکرد به عنوان متغیر وابسته و دیگر صفات به عنوان متغیر مستقل

| صفت | ترتیب وارد شدن در مدل | عرض از مبدا | R ^{2*} | F |
|-----------------------|-----------------------|-------------|-----------------|---------|
| وزن میوه (کیلوگرم) | 1 | 3/25 | 0/795** | 62/03** |
| قطر حفره (سانتیمتر) | 2 | 1/013 | 0/873** | 51/47** |

* ضریب تبیین جمعی، ** معنی دار در سطح احتمال 1٪

تجزیه فاکتور: تحلیل عاملی بر اساس تحلیل مولفه‌های اصلی با رهیافت چرخش وریماکس جهت تعیین نمودن عامل‌های مهم و موثر انجام شد. سه عامل حدود 75 درصد تنوع ژنتیکی را تبیین کردند. بیشترین مقدار تنوع توسط عامل نخست (54 درصد) تبیین شد که در آن صفات وزن میوه، عرض میوه، قطر حفره، ضخامت گوشت میوه، طول دانه، وزن صد دانه، قطر طوقه و عملکرد دارای بیشترین بار عاملی مثبت و تعداد میوه در بوته بار عاملی منفی داشت. این عامل عامل عملکرد نامیده شد. در عامل دوم صفت طول میوه، تعداد دانه، روز تا رسیدن نخستین میوه و سفتی میوه بار عاملی بالایی داشتند. عامل سوم شامل دو صفت مربوط به کیفیت میوه یعنی درصد وزن خشک و درصد قند بود. در مطالعات مشابه روی توده‌های ایرانی ملون، سه عامل گزارش شد (کوهپایگانی و همکاران، 1382 و نارویی راد و همکاران، 1388) که یافته‌های نارویی راد و همکاران (1388) با نتایج ما همخوانی بیشتری داشت.

منابع

فیضیان، الف.، ح. دهقانی، ع. رضایی و م. جلالی جواران. 1388. تجزیه ژنتیکی عملکرد و اجزای آن در خربزه به روش دای آلل. مجله علوم باغبانی ایران. 40(1): 95-106.

کوهپایگانی، ج. ع.، الف. کاشی، ج. مظفری، و م. ج. آقایی. 1382. بررسی تنوع ژنتیکی برخی از توده‌های خربزه طالبی ایرانی بر اساس کیفیت میوه. مجله علوم و فنون باغبانی ایران. 2: 82-83.

نارویی‌راد، م.ر.، م.ع. شیرازی خرازی و الف. پهلوان‌روی. 1388. ارزیابی زراعی توده‌های خربزه سیستان. مجله علوم باغبانی ایران. 59-53:(2)40

F.A.O. 2010. FAOSTAT Agricultural Database. <http://apps.fao.org>

Lotfi, M. and A. Kashi. 1999. The Iranian melon as a new cultivar group. In: Andrews, S., A. G. Leslie & C. Alexander (ed). Taxonomy of cultivated plants: Third International Symposium. Royal Botanic Gardens, Kew 447-449.

Renner, S.S., H. Schaefer, and A. Kocyan. 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.

Robinson, R.W. and D.S. Decker-Walters. 1997. Cucurbits. University Press, New York.

Stepansky, A., I. Kovalski, and R. Perl-Treves. 1999. Intraspecific classification of melons (*Cucumis melo* L.) in view of their phenotypic and molecular variation. Plant Systematics and Evolution. 217, 313-332.

Walters T.W. 1989. Historical overview on domesticated plants in China with special emphasis on the Cucurbitaceae. Economic Botany. 43:297-313.

Assessment of variability, correlation and broad sense heritability of some traits in Iranian melon accessions

Mahmoud Raghmi^{1*}, Mohamad Reza Hasandokht², Zabihollah Zamani², Mohamad Reza Fattahi Moghadam², Abdolkarim Kashi²

¹ Dept. of Horticultural Sciences, Vali-E-Asr University of Rafsanjan. ² Dept. of Horticultural Sciences, University of Tehran, Iran.

Abstract:

Genetic variability, correlation analysis, broad sense heritability and gene action were assessed on 18 Iranian melon accessions (Groups Inodorus, Cantalupensis and Dudaim), in a randomized complete block design with three replications. Proportion of genetic to environmental variation was high in all of traits but percentage of fruit dry weight and fruit sugar. High values for estimated broad sense heritability and gene action were observed for fruit number per plant, flesh thickness, fruit weight and fruit length, suggesting them to be used as a morphological markers for selection of higher yield in next generation in Group Inodorus, but in the Groups Cantalupensis selection for fruit number is more appropriate. Fruit number/plant, fruit weight and length and seed length can be considered as the most important traits for effective selection in Iranian melon accessions. Correlation coefficients indicated that yield/plant was positively and significantly correlated with fruit weight, fruit length and fruit width, fruit cavity, flesh thickness, seed length, 100-seed weight and crown width. Based on resulted of stepwise regression analysis, fruit weight and fruit cavity were the most effective traits on yield. Results of factor analysis for traits, indicated that the three factors (Fa1) explained 75 percent of total variation. In Fa1 fruit weight, fruit width, fruit cavity, flesh thickness, seed length, 100-seed weight, crown width and yield showed the highest factor values in explaining the genetic variations.

Keywords: Inodorus, Cantalupensis, Dudaim, Gene action, Factor analysis