

## ارزیابی تنوع ژنتیکی برخی از ژنوتیپ‌ها و گونه‌های گلابی بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی

جواد عرفانی (۱)، علی عبادی (۲)، حمید عبداللهی (۳)، محمد رضا فتاحی (۴)

۱- دانشجوی دکتری گروه علوم باغبانی، ۲، ۴- استاد و دانشیار گروه علوم باغبانی دانشگاه تهران و ۳- استادیار موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج گلابی یکی از محصولات مهم میوه در خانواده رزاسه است که بیش از دو هزار سال در حدود ۵۰ کشور در مناطق معتدله مورد کشت و کار قرار گرفته است. شناسایی و بررسی تنوع ژنتیکی، اولین مرحله برای دستیابی به ارقام مطلوب در این محصول است. هدف از این تحقیق گروه‌بندی ارقام مورد مطالعه گلابی بر اساس صفات کمی و کیفی مهم و تعیین فاصله ژنتیکی بین آنها بود. بدین منظور این تحقیق با ارزیابی بین ۴۷ نمونه از ژنوتیپ‌های گلابی اعم از گونه‌های اروپایی، آسیایی و وحشی در گروه باغبانی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران از سال ۱۳۸۷ شروع شد. در این بررسی تجزیه کلاستر به روش وارد (Ward) و با استفاده از تمام صفات مورد بررسی صورت گرفت. ژنوتیپ‌های مورد بررسی در فاصله ۲۰ به سه گروه اصلی تقسیم شدند به طوری که گونه آسیایی، گونه‌های وحشی و گونه اروپایی در گروه‌های جداگانه قرار گرفتند. نتایج تجزیه همبستگی ساده صفات، وجود همبستگی‌های منفی و مثبت معنی‌دار بین برخی صفات مهم را نشان داد. نتایج تجزیه به عامل‌های اصلی نشان داد، ۹ عامل اصلی نزدیک به ۸۰٪ از واریانس کل را توجیه می‌کند. در بین عامل‌ها، فاکتور اول و دوم که بیش‌تر مربوط به صفات کمی مرتبط با میوه و برگ بود نزدیک به ۳۲٪ واریانس را توجیه کرده است.

کلمات کلیدی: گلابی، تنوع ژنتیکی، صفات مورفولوژیکی، همبستگی، آنالیز کلاستر

### مقدمه

گلابی (*Pyrus spp.*) یکی از محصولات مهم میوه از خانواده رزاسه بعد از سیب است که در آسیا در طی ۲۰۰۰ سال اخیر مورد کشت و کار قرار می‌گیرد (Bell, 1990; Bell et al., 1996). گلابی یک گیاه دگرگشن است که همین مسئله منجر به بوجود آمدن سطح بالایی از هتروزیگوتی و تنوع آلی در این جنس شده است (Monte-Corvo et al., 2001) که فقط تعداد محدودی از ارقام آن به صورت تجاری مورد کشت و کار قرار می‌گیرد (Bell et al., 1996). در طی دهه‌های گذشته تلاش‌های بسیاری صورت گرفته است تا ارزیابی تنوع ژنتیکی در گلابی‌های اروپایی و آسیایی و سایر گونه‌های جنس *Pyrus* با استفاده از مارکرهای مورفولوژیکی، بیوشیمیایی و DNA تعیین گردد. روش‌های سنتی ارزیابی ارقام بر اساس صفات مورفولوژیکی معمولاً برای شناسایی ارقام داخل یک گونه استفاده می‌شود (Cantini et al., 1999). Barranco and Rallo, 2000)، اگرچه بیان آنها به شدت تحت اثر محیط، سن درخت، سیستم تربیت و مراحل فنولوژیکی گیاهان قرار می‌گیرد (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 پلاسم‌های گلابی کشور به منظور شناسایی ارقام مناسب برای توسعه و کشت و کار و استفاده از آنها در برنامه‌های اصلاحی امری ضروری به نظر می‌رسد.

### مواد و روش‌ها

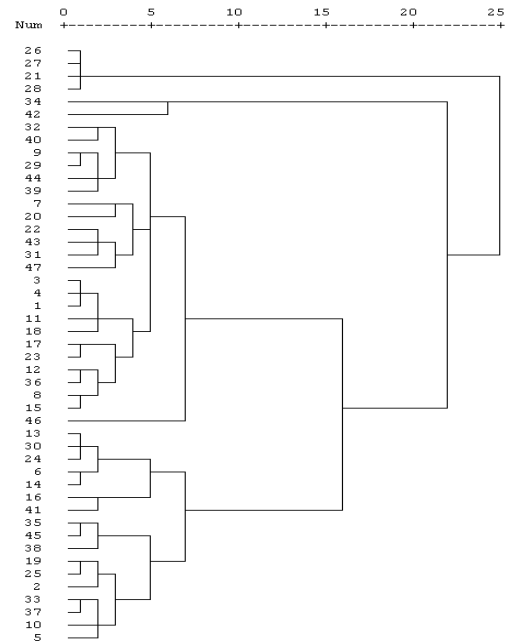
این تحقیق در گروه علوم باغبانی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران و موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج انجام شد. بررسی تنوع ژنتیکی بین ۴۱ نمونه گلابی گونه *P. communis* شامل ارقام داخلی و خارجی و ۴ نمونه گلابی گونه *P. pyrifolia* و ۲ گونه داخلی از ژنوتیپ‌های وحشی (*P. mazandaranica* & *P. salicifolia*) با صفات مورفولوژیکی مربوط به برگ و میوه صورت گرفت (جدول ۱). این تحقیق در بهار و تابستان ۱۳۸۸ و ۱۳۸۹ انجام پذیرفت و صفات مربوط به برگ، شاخه و میوه طبق دیسکرپتور (UPOV, 2000) ارزیابی شدند. برای اندازه‌گیری صفات کمی و کیفی مختلف از روش‌های متفاوتی استفاده شد. تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از نرم افزار Excel و SPSS صورت گرفت.

## نتایج و بحث

در بین صفات مورد بررسی بیشترین ضریب تنوع مربوط به صفات مرتبط به میوه از جمله رنگ دم میوه، انحنای دم میوه، اندازه میوه و عمق حفره دم میوه بود. کمترین ضریب تنوع مربوط به صفات مرتبط وضعیت گوشوارک دم برگ، حفره انتهایی میوه 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 ۲۱/۳۴ و ۲۱۴ گرم با ضریب تنوع ۳۳/۲۶٪ 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 می کند 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 می رسد وزن میوه بیش تر و عملکرد بالاتر باعث کاهش درصد قند و اسید و همچنین نسبت بین آنها می شود. در ارقام با عملکرد بالا کربوهیدرات کمتری برای ذخیره سازی قند مصرف و اکثر ترکیبات فتوسنتزی صرف عملکرد میوه می شود. 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 می تواند بسیار مطلوب باشد. نتایج حاصل از تجزیه خوشه ای نشان داد که ژنوتیپها در فاصله ۲۰ به سه گروه اصلی شامل گونه آسیایی، گونه های وحشی و گونه اروپایی تقسیم شدند. اما در فاصله ۱۰ گونه اروپایی به ۲ شاخه اصلی تقسیم شد که ارقام ایرانی و خارجی در زیر شاخه های جداگانه قرار گرفتند (شکل ۱).

جدول ۱- لیست ارقام گلایی مورد استفاده در این تحقیق

کد	نام	کد	نام	کد	نام	کد	نام
۱	بیوره دیل	۱۱	بیوره دامانلیس	۲۱	SK8	۳۱	ویلیام دوشس
۲	اسپادونا	۱۲	نامشخص ۳	۲۲	دوین دوکومیس	۳۲	خوج وحشی ۲
۳	فلسطینی	۱۳	نامشخص ۱	۲۳	نامشخص ۲	۳۳	بلغار ۲
۴	بارتلت	۱۴	شاهک	۲۴	شاه میوه	۳۴	گونه ساسیفولیا
۵	سیف تبریز	۱۵	دوشس	۲۵	بورহারدی	۳۵	بیروتی
۶	هراسوئیت	۱۶	دم کج زرد	۲۶	SK6	۳۶	بوهمه
۷	پاس کراسان	۱۷	فارویت دکلاپس	۲۷	SK9	۳۷	بلغار ۳
۸	پکهامز تریموف	۱۸	تاشکندی	۲۸	SK7	۳۸	پیغمبری
۹	دره گزی	۱۹	کوشیا	۲۹	محمد علی	۳۹	سبری
۱۰	آلورت	۲۰	کایسر	۳۰	خوج وحشی ۱	۴۰	نطنزی



شکل ۱- گروه بندی ۴۷ ژنوتیپ و رقم گلابی بر اساس روش ward

#### تقدیر و تشکر

مواد گیاهی گلابی‌های ژاپنی از استاد گرامی جناب آقای دکتر ارزانی از دانشگاه تربیت مدرس تهیه شده که نگارندگان کمال تقدیر و تشکر را از ایشان دارند.

#### منابع

- Barranco, D., Rallo, L. 2000. Olive cultivars in Spain. Hortechology, 10: 107-110.  
Barranco, D., Rallo, L. 2000. Olive cultivars in Spain. Hortechology, 10: 107-110.  
Bell, R. L. 1990. Pears (*Pyrus*). In: J. N. Moore and J. R. Ballington Jr. (Eds.), Genetic Resources of Temperate Fruit and Nut Crops I, pp. 655-697. International Society for Horticultural Science, Wageningen, The Netherlands.  
Bell, R. L., Quamme, H. A., Layne, R. E. C and 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.  
Cantini, C., Cimato, A and Sani, G. 1999. Morphological evaluation of olive germplasm present in Tuscany region. Euphytica, 109: 173-181.  
Monte-Corvo, L., L. Goulao and C. Oliveira. 2001. ISSR analysis of cultivars of pear and suitability of molecular markers for clone discrimination. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126: 517-522.

## Evaluation of Genetic Diversity of Some Pear (*Pyrus* spp.) Genotypes and Species based on Morphological Marker

### Abstract

Pears (*Pyrus* spp.) belongs to the Rosaceae family, which have been cultivated for more than 2000 years. Pears are among the most important fruits in all the temperate regions in about 50 countries of the world. Identification and estimation of genetic diversity of pear germplasm is a primary steps in its breeding program. The objectives of this study were to classify pear genotypes based on qualitative and quantitative characteristic and determination of their genetic distance. Evaluation of genetic diversity of 47 pear accessions including European, Asian and wild species, was started since 2008 in University of Tehran, Karaj – Iran. In this study genotypes were classified according to their characteristics and Ward's method. Results derived from cluster analysis divided the genotypes into three main groups including European, Asian and wild species. Results of simple correlation analysis showed significant negative or positive correlations for some of the important traits. Results of factor analysis indicated that nine main factors indicated 80% of total variance. First and second factors that were related to leaf and fruit characteristics, described nearly upto 32% of variance.

**Keywords:** Pear, Genetic diversity, Morphological marker, Correlation, Cluster analysis