

ارزیابی ژنتیکی برخی از ارقام به (*Cydonia oblonga* Mill.) استان اصفهان با استفاده از خصوصیات مورفولوژیکی

مهدی علیپور (۱)، حمید عبداللهی (۲)، ایوبعلی قاسمی (۳)، وحید عبدوسی (۴)، مرتضی اکرمیان (۵)

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد و ۴- استادیار گروه باغبانی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات، تهران، ۲- استادیار بخش تحقیقات باغبانی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ۳- مربی بخش نهال و بذر، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع

طبیعی اصفهان، ۵- دانشجوی دکتری، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران.

ایران به عنوان یکی از مراکز تنوع مهم درخت "به" مطرح است و این گیاه به صورت خودرو در مناطقی از شمال و غرب ایران رویش می‌یابد. با توجه به مطالعات اندک صورت گرفته در زمینه تنوع ژنتیکی این گیاه در ایران و سایر کشورها، هدف از انجام این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی برخی از ارقام "به" استان اصفهان موجود در کلکسیون ملی موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی و معرفی ارقام برتر از لحاظ خصوصیات رویشی بود. آنالیز واریانس نشان داد که در اغلب صفات مورد بررسی میان ارقام مختلف تفاوت معنی داری وجود داشت و میزان تفاوت در اکثر صفات میان ارزش حداقل و حداکثر آن‌ها زیاد بود. به عنوان مثال، ارتفاع گردن میوه از عدم وجود در برخی از ارقام تا ۶۷ میلی‌متر در رقم PH2 و وزن میوه از ۱۱۱/۱ تا ۳۷۰/۵ گرم به ترتیب در ارقام SVS1 و KVD3 متفاوت بود. علاوه بر این، در اکثر موارد همبستگی مهم و معنی داری میان صفات مورد بررسی وجود داشت و بیشترین میزان همبستگی ($r=0.968$) میان وزن میوه با قطر آن مشاهده شد. مطابق نتایج تجزیه کلاستر، رقم‌های مورد مطالعه به ۶ گروه تقسیم‌بندی شدند به طوری که رقم‌های KVD3 و NB4 هر یک در یک گروه مجزا قرار گرفتند. با توجه به فاصله ژنتیکی اندک رقم‌های NB3 و SVS2 و نیز PH2 و PK2، احتمال می‌رود که این رقم‌ها یک رقم و با نام‌های مختلف باشند و یا حداقل منشا ژنتیکی یکسانی داشته باشند.

کلمات کلیدی: درخت به، تنوع ژنتیکی، صفات مورفولوژیکی، آنالیز کلاستر

مقدمه

درخت "به" با نام علمی *Cydonia oblonga* Mill. گیاهی متعلق به تیره گل‌سرخیان (Rosaceae) می‌باشد. این گونه به صورت خودرو در برخی کشورهای آسیایی مثل ایران، ترکمنستان، قفقاز، افغانستان، پاکستان و آذربایجان رویش می‌یابد. در ایران این گیاه به صورت خودرو از برخی نقاط شمال، شمال غرب، غرب و جنوب غرب گزارش شده است (بروویچ، ۱۹۸۱). شناسایی و تفکیک ارقام مختلف می‌تواند ما را در جهت حفظ ذخایر ژنتیکی و پیشبرد برنامه‌های اصلاحی کمک رساند. بررسی تنوع ژنتیکی جهت مطالعه ژرم پلاس، تهیه برنامه‌های اصلاحی، بررسی روند تکامل گونه، رده‌بندی و بسیاری مسائل دیگر اهمیت دارد (نقوی و همکاران، ۱۳۸۶). عموماً جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی در موجودات مختلف از نشانگرها استفاده می‌شود که یکی از آنها نشانگرهای مورفولوژیکی می‌باشند (کومار، ۱۹۹۹). صفات مورفولوژیکی که در ظاهر افراد قابل تشخیص می‌باشند و عمدتاً توسط یک ژن کنترل می‌شوند، می‌توانند به عنوان نشانگرهای ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرند. این نوع نشانگرها دارای معایب و محدودیت‌هایی می‌باشند اما در عین حال مزیت‌هایی نیز دارند که می‌توان به مواردی مثل دامنه وسیع ژن‌های کنترل کننده صفات فنوتیپی اشاره کرد. همچنین جزء نخستین نشانگرها به شمار می‌آیند. از طرفی هزینه کمی داشته و کاربرد ساده‌ای دارند که این مسئله باعث شده این نشانگرها متداول‌ترین نشانگرها باشند. هدف از انجام این تحقیق ارزیابی خصوصیات رویشی، بررسی تنوع ژنتیکی شماری از ارقام "به" استان اصفهان که در کلکسیون ملی "به" کشور کشت شده‌اند و معرفی ارقام برتر می‌باشد که برای اولین بار به صورت یکجا و متمرکز انجام شده است.

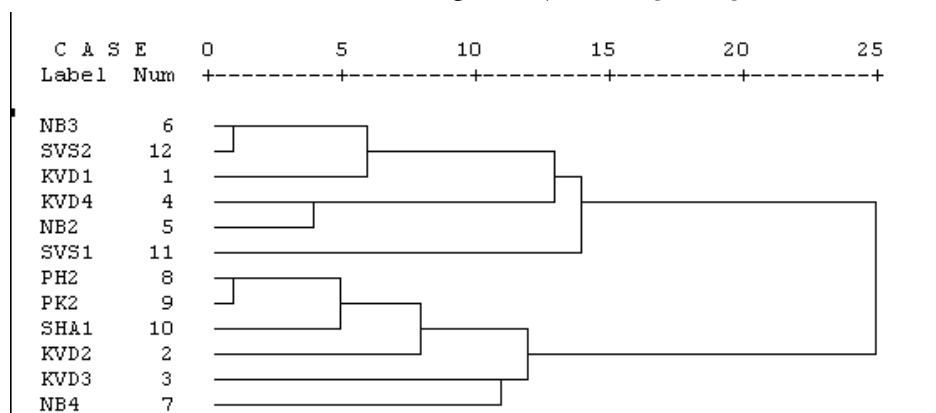
مواد و روش‌ها

این تحقیق در پاییز سال ۱۳۸۹ بر روی ۱۲ رقم از ارقام "به" استان اصفهان که توسط عبداللهی و همکاران (۱۳۸۳) جمع‌آوری شده و در کلکسیون ملی "به" واقع در موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کشت گردیده‌اند انجام شد. صفات مورد مطالعه در این تحقیق شامل ۲۱ صفت بوده که بر اساس دستورالعمل ملی آزمون‌های تمایز، یکنواختی و پایداری (UPOV Descriptor) در "به" شامل صفات و خصوصیات برگ از جمله طول و عرض پهنک، طول دم‌برگ، شکل پهنک، نوک پهنک، طول نوک برگ، زاویه نوک، شکل قاعده برگ و گوشوارک، خصوصیات مربوط به درخت و شاخه یکساله شامل

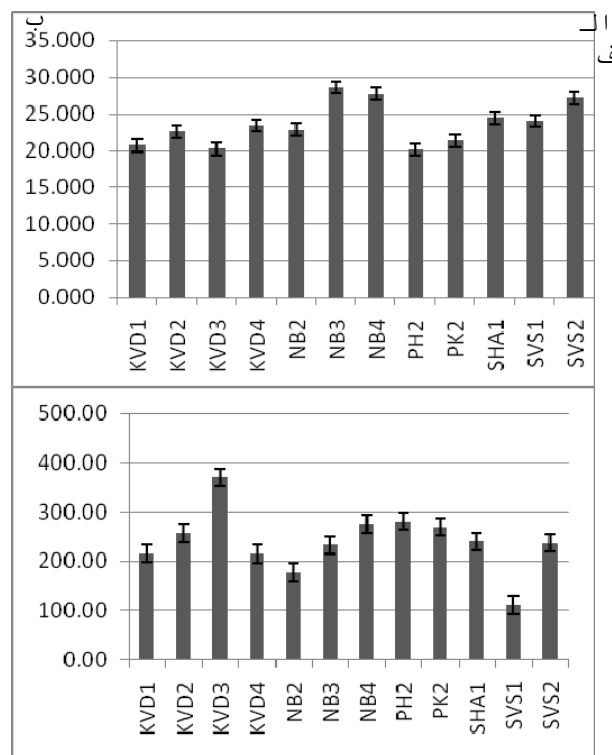
عادت رشدی، تراکم کرک در ۱/۳ انتهایی شاخه یکساله، رنگ غالب رو به آفتاب شاخه یکساله، موقعیت جوانه جانبی نسبت به شاخه و فاصله میانگره و برخی صفات میوه شامل طول میوه، قطر میوه، حفره انتهایی، وجود گردن، ارتفاع گردن، حفره دم و وزن میوه انتخاب و مورد ارزیابی قرار گرفتند. داده‌های حاصل از ارزیابی این صفات در نرم‌افزار Excel ثبت گردیده و رسم کلاستر، ارزیابی همبستگی صفات پیوسته از روش پیرسون (Pearson) و صفات مرتبه‌ای از روش اسپیرمن (Spearman) و تجزیه واریانس با استفاده از نرم‌افزار SPSS انجام گردید.

نتایج و بحث

مطابق نتایج تجزیه واریانس، به جز در شکل قاعده برگ، اندازه گوشوارک، عادت رشدی و حفره دم میوه، تفاوت معنی‌داری میان صفات رویشی ارقام مورد مطالعه وجود داشت. در اکثر موارد اختلاف زیادی میان ارزش حداقل و حداکثر صفات مورد بررسی مشاهده شد، به عنوان مثال ارتفاع گردن میوه از صفر در برخی ارقام تا ۱۱ میلی‌متر در رقم SHA1 دیده شد. همچنین اختلاف زیادی میان میزان وزن میوه در نمونه‌های مورد مطالعه مشاهده شد به طوری که این صفت از ۸۹/۹ گرم تا ۴۳۹/۰ گرم در ارقام مختلف متفاوت بود. نتایج همبستگی صفات نیز در اکثر موارد همبستگی مهم و معنی‌داری را میان صفات مورد بررسی نشان داد. بیش‌ترین میزان همبستگی میان وزن میوه با قطر آن مشاهده شد ($r=0.968$)، همچنین اندازه حفره انتهایی با قطر میوه ($r=0.876$)، طول میوه با وزن آن ($r=0.849$) و وزن میوه با اندازه حفره انتهایی ($r=0.840$) به طور معنی‌داری همبستگی نشان داد. در نتیجه آنالیز کلاستر ارقام مورد مطالعه در فاصله ژنتیکی ۱۵ به دو گروه عمده تقسیم‌بندی شدند. گروه اول (I) متشکل از ژنوتیپ‌هایی بود که نسبت به ژنوتیپ‌های گروه دوم (II) دارای طول میوه، قطر میوه، اندازه حفره انتهایی، ارتفاع گردن و وزن میوه کم‌تر و اندازه گوشوارک و فاصله میانگره بیش‌تر و اغلب دارای گردن بودند. اعضای این گروه خود به دو زیرگروه عمده تقسیم‌بندی شدند به طوری که رقم SVS1 به‌تنهایی در یک گروه قرار گرفت. در این رقم طول دم‌برگ، اندازه گوشوارک، طول میوه، قطر میوه، اندازه حفره انتهایی، اندازه حفره دم و وزن میوه از سایر اعضای این گروه کم‌تر بوده و موقعیت جوانه جانبی نسبت به شاخه در مقایسه با سایر اعضای این گروه متفاوت بود، در حالی که ارتفاع گردن در این رقم نسبت به سایر اعضا بیش‌تر بود. ارقام گروه دوم نیز متعاقباً به سه زیرگروه عمده طبقه‌بندی شدند به طوری که ارقام اصفهان (KVD3) و NB4 هرکدام در یک گروه و بقیه در گروه دیگر قرار گرفتند. طول میوه، قطر میوه و اندازه حفره انتهایی در رقم KVD3 از سایر ارقام این گروه بیش‌تر بود و در رقم NB4 ارتفاع گردن از سایر ارقام این گروه کوتاه‌تر بود. از آنجا که ارقام PK2 و PH2 و همچنین ارقام NB3 و SVS2 در فاصله ژنتیکی بسیار اندکی از یکدیگر قرار گرفتند به نظر می‌رسد که این ارقام یکسان بوده و یا حداقل دارای منشا یکسان هستند. بررسی این ارقام نشان داد که ژنوتیپ‌های NB3، KVD4 و PH2 از نظر برخی صفات درخت، میوه و برگ نسبت به سایر ارقام تا حدودی متمایز بوده و به عنوان ارقام برتر در بین رقم‌های مورد مطالعه در این آزمایش انتخاب و پیشنهاد می‌گردند.



شکل ۱- آنالیز کلاستر ارقام مورد مطالعه در آزمایش.



شکل ۲- میانگین وزن میوه در ارقام مورد مطالعه (الف) برحسب گرم و اندازه میانگرمه (ب) برحسب میلی متر

منابع

۱- تقوی، م.، قره باضی، ب. و حسینی سالکده، ق. ۱۳۸۶. نشانگرهای ملکولی. انتشارات دانشگاه تهران، ۳۲۴ ص.

2- Kumar, L.S. 1999. DNA markers in plant improvement. *Biotechnology Advances*. 17: 143-13

Abstract

Iran is considered as one of the most important centers of quince diversity and it is growing wild in the some parts of the country including north and west. To date, quince has been the subject of only a few genetic studies and, therefore, the present study was aimed to evaluate genetic diversity among some cultivars of quince (*Cydonia oblonga* Mill.) from Isfahan province cultivated in the seed and plant improvement institute using morphological characteristics and to introduce superior cultivars. According to the results of analysis of variance, there were significant differences between studied characters in different cultivars and the level of variation was detected to be high. The height of fruit neck and fruit weight, for instance, was varied from zero in some cultivars to 6.7 mm in PH2 cultivar and 111.1 (cv. SVS1) to 370.5 (cv. KVD3) gr, respectively. In addition, significant correlations were observed among the most studied characters with the highest level ($r=0.968$) between the fruit diameter and weight. On the base of constructed cluster, cultivars in question were grouped into six distinct groups with KVD3 and NB4 cultivars each as separate group. Considering the low level of genetic distance between NB3/SVS2 and PH2/PK2 cultivars, cultivars in each pair are probably same with the different names or, at least, with the same origin.

Keyword: *Cydonia oblonga* Mill., genetic diversity, morphological characteristics, cluster analysis, plant breeding