

بررسی تنوع مورفولوژیکی در بعضی از ارقام و ژنوتیپ های بادام

سید اصغر موسوی (۱) و (۳)، ذبیح ا... زمانی (۱)، محمد رضا فتاحی مقدم (۱) و علی ایمانی (۲)

۱- گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم باغبانی و گیاه پزشکی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ۲- بخش تحقیقات باغبانی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهییه نهال و بذر، کرج، ۳- بخش تحقیقات باغبانی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی، شهرکرد

به منظور ارزیابی تنوع مورفولوژیکی برخی از ارقام و ژنوتیپ های بادام، آزمایشی روی ۵۵ رقم و ژنوتیپ بادام ایرانی و خارجی انجام گرفت. در این مطالعه ۲۹ صفت کمی و کیفی خشک میوه و مغز و همچنین ۴ صفت فنولوژی درخت موردن ارزیابی قرار گرفت. نتایج تجزیه واریانس و مقایسه میانگین صفات نشان داد که ارقام و ژنوتیپ های موردن بررسی از نظر کلیه صفات مورد مطالعه با یکدیگر دارای تفاوت معنی دار هستند که نشان دهنده وجود تنوع بین ارقام و صفات موردن بررسی است. نتایج تجزیه همبستگی ساده حاکی از وجود همبستگی های مثبت و منفی معنی داری بین برخی صفات مهم بود. نتایج تجزیه کلاستر بر اساس تمام صفات اندازه گیری شده، ارقام را در فاصله ۰/۲۵، به دو گروه اصلی تقسیم بندی کرد. با کاهش فاصله از ۰/۲۵ به ۰/۵ ژنوتیپ ها و ارقام به شش گروه اصلی تقسیم بندی شدند. از عوامل مهم تفکیک کلاسترها اصلی صفاتی از جمله طول، شکل و وزن خشک میوه و مغز، درصد مغز، ضخامت و میزان سختی پوست چوبی و زمان گل دهی بودند. تجزیه عامل توانست صفات موردن ارزیابی را به ۹ عامل اصلی بیان نماید که مجموعاً ۸۳ درصد واریانس کل را توجیه نمایند. در محدوده هر عامل صفات با ضرایب بالای ۰/۶ به عنوان ضرایب عاملی معنی دار در نظر گرفته شدند. تجزیه دی پلات و تجزیه تری پلات نشان داد که ارقام و ژنوتیپ هایی که از نظر صفات موثر در عامل های اصلی شباهت بیشتری داشتند در یک محدوده نزدیک به هم و در یک گروه قرار گرفتند. بنابراین پراکنش ژنوتیپ ها و ارقام در محدوده این سه عامل اصلی می تواند به تعیین بهتر فاصله مورفولوژیکی ارقام و ژنوتیپ ها و تفاوت بین آنها کمک نماید.

واژه های کلیدی: بادام، صفات کمی و کیفی، همبستگی صفات، تجزیه عامل، تجزیه کلاستر

مقدمه

بادام با نام علمی *Prunus (amygdalus) dulcis* متعلق به خانواده Rosaceae و زیر خانواده Prunoideae می باشد و یکی از قدیمی ترین درختانی است که در نقاط سردسیری و نیمه سرد سیری ایران پراکنده است. ایران یکی از مهم ترین تولید کنندگان بادام در جهان می باشد و از نظر سطح زیر کشت در جهان در رتبه سوم و از نظر میزان تولید در رتبه پنجم جهان قرار دارد. بررسی و تعیین تنوع ژنتیکی در مواد گیاهی از اهمیت بالایی برخوردار است و گام اولیه و اساسی برای شناسایی، حفظ و نگهداری ذخایر توارثی که پایه اساسی برای تحقیقات ژنتیکی و برنامه های اصلاحی است، می باشد. اصلاح و تولید ارقام جدید وابسته به قدرت انتخاب دقیق بین گیاهان می باشد که این خود بستگی به شناسایی ارقام و تنوع موجود در آنها دارد. دجیورجیو و پلی گنانو (۲۰۰۱) تنوع ۸۸ رقم بادام در جنوب ایتالیا را از لحاظ ۲۰ صفت درخت، خشک میوه و مغز موردن بررسی قرار دادند. تجزیه کلاستر، این ارقام را در ۷ گروه قرار داد که مهم ترین فاکتور در تشکیل کلاستر ها درصد دوقلویی و بعد از آن صفاتی مثل ضخامت خشک میوه و مغز، شکل

خشک میوه و مغز و اندازه خشک میوه، مغز و درصد مغز بود(۲). دجیورجیو و همکاران (۲۰۰۷) با ارزیابی ۵۲ رقم بادام در جنوب ایتالیا این ارقام را از نظر خصوصیاتی نظری عملکرد مغز، درصد مغز، دوقلویی، وزن خشک میوه و مغز، چربی کل و میزان آلفا- توکوفول مورد ارزیابی قرار دادند. دوقلویی و درصد مغز، ضریب تنوع بالای را نشان دادند ولی وزن مغز، کمترین تنوع را نشان داد(۳). چالاک و همکاران (۲۰۰۷) خصوصیات مورفولوژیکی رقم بادام را با استفاده از ۲۰ صفت کمی و کیفی که عمدتاً خصوصیات میوه و مغز بودند، بررسی کردند. بر اساس نتایج، تنوع زیادی بین این ارقام وجود داشت و در بین آنها نیز دو رقم یکسان یا هم نام مشخص شد(۱). یکی از بهترین راهکارهای طبقه‌بندی ژرم پلاسم و تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی بین افراد، استفاده از روش آماری چند متغیره است. در روش های تجزیه و تحلیل چند متغیره، از تجزیه همزمان چندین متغیر برای بررسی روابط بین آنها استفاده می‌شود. از بین این روش‌ها، تجزیه کلاستر و تجزیه به عامل‌های اصلی (PCA) بیشتر از بقیه کاربرد دارند. با توجه به اینکه ایران یکی از خاستگاه‌های اصلی بادام است و از لحاظ سطح زیر کشت و تولید این محصول ایران از رتبه بالایی در جهان برخوردار است، این تحقیق به منظور آشنایی هرچه بیشتر با برخی از خصوصیات مهم ارقام بادام و روابط بین صفات مهم آن انجام گردید.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش تعداد ۵۵ رقم و ژنوتیپ بادام برای ۳۳ خصوصیت مرفولوژیکی درخت، میوه و مغز مورد ارزیابی قرار گرفت. اندازه گیری صفات کمی و کیفی برای صفات مختلف به روش‌های متفاوت و مناسب هر یک انجام شد. کددھی برخی صفات براساس دیسکریتور بادام(۴) انجام شد. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها برای کلیه صفات با استفاده از نرم افزار SAS انجام شد. آمار توصیفی، همبستگی ساده بین صفات، تجزیه کلاستر و تجزیه عامل‌ها با استفاده از نرم افزار SPSS انجام شد. برای تفکیک کامل عامل‌ها از روش چرخش عامل‌ها و روش حداقل واریانس استفاده شد. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی ۰/۶ به بالا معنی دار در نظر گرفته شدند. تجزیه کلاستر و گروه بندی ارقام و ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش وارد و محاسبه فواصل بعد از استاندارد کردن داده‌ها انجام گرفت.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ارقام و ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر کلیه صفات مورد مطالعه با یکدیگر دارای تفاوت معنی دار هستند که دلیل بر وجود تنوع در صفات مورد بررسی است. صفاتی که دارای ضریب تغییرات بالایی هستند، محدوده وسیع تری از کمیت صفت را دارا می‌باشند که دامنه انتخاب بیشتری برای آن صفت را فراهم نموده است. مقایسه میانگین صفات نیز بیانگر وجود تفاوت معنی دار بین صفات اندازه گیری شده در ارقام و ژنوتیپ‌های مورد بررسی بود. ضرایب همبستگی بین صفات اندازه گیری شده نشان دهنده وجود همبستگی مثبت یا منفی بین برخی از آنهاست. بین عرض خشک میوه با اندازه خشک میوه، وزن خشک میوه، ضخامت خشک میوه، ضخامت پوست چوبی، اندازه مغز، شکل مغز و عرض مغز همبستگی مثبت معنی داری وجود داشت ولی با صفاتی مثل شکل خشک میوه و درصد مغز همبستگی منفی معنی داری وجود داشت. بین میزان کرک با میزان چین و چروک همبستگی مثبت

معنی داری وجود داشت. همبستگی منفی معنی داری بین رنگ مغز با میزان کرک و میزان چین و چروک مغز وجود داشت. با کاهش فاصله روی مقیاس کلاستر از ۲۵ به ۵، ژنوتیپ ها و ارقام به شش گروه اصلی تقسیم بندی شدند. دجیورجیا و پلی گنانو (۲۰۰۷) گزارش کردند که صفات درصد مغز، دوقلویی مغز، ضخامت خشک میوه و مغز از عوامل موثر در گروه بندی رقام بادام مورد مطالعه این محققان در ایتالیا بوده است که همسو با نتایج این تحقیق است(۲). تجزیه عامل توانست صفات مورد ارزیابی را به صورت ۹ عامل اصلی بیان نماید که در بین آنها عامل های اول، دوم و سوم، بیشترین سهم را در توجیه واریانس نشان دادند. میزان واریانس نسبی هر عامل نشان دهنده اهمیت آن عامل در واریانس کل صفات مورد بررسی است. در تجزیه عامل ها، مجموعاً ۹ عامل اصلی و مستقل که مقادیر ویژه آنها بیشتر از یک بودند، توانستند ۸۳ درصد واریانس کل را توجیه نمایند. برخی صفات خشک میوه مانند عرض، ضخامت (قطر)، وزن و اندازه و ضخامت و سختی پوست چوبی، درصد پوست چوبی، میزان نقوش و شکاف در پوست چوبی، درصد مغز، درصد دوقلویی، طول خشک میوه و مغز، شکل خشک میوه و مغز، تاریخ گلدهی، رنگ پوست چوبی و رنگ مغز، میزان چین و چروک مغز و میزان کرک مغز، عادت رشد، عادت باردهی و تاریخ رسیدن میوه از صفات تاثیر گذار در ۹ عامل اصلی بودند. دجیورجیا و همکاران (۲۰۰۷) گزارش کردند که درصد مغز، دوقلویی و وزن مغز نقش مهمی در گروه بندی ارقام بادام داشتند و جز صفات تاثیر گذار در تجزیه عامل های نیز محسوب شدند(۲). لنساری و همکاران (۱۹۹۴) از تجزیه عامل ها برای ارزیابی تنوع مورفولوژیکی ارقام و کلون های بادام استفاده کردند که صفات خشک میوه و مغز از جمله صفات تاثیر گذار در تجزیه عامل ها بودند(۴). تجزیه پلات قادر است تصویر دو بعدی یا سه بعدی ایجاد نماید که هر یک از ابعاد آنها یک عامل اصلی فرق گذار محسوب می شوند. در این پژوهش تجزیه دی پلات با استفاده از دو عامل اصلی اول و دوم که مجموعاً ۳۹/۵ درصد از سهم کل واریانس را توجیه نمودند و تجزیه تری پلات با استفاده از سه عامل اصلی اول، دوم و سوم که مجموعاً ۵۰/۷۷ درصد از کل واریانس را توجیه نمودند، انجام شد. بنابراین پراکنش ژنوتیپ ها و ارقام در محدوده این عوامل اصلی توانست به تعیین بهتر فاصله ارقام و ژنوتیپ ها و تفاوت بین آنها کمک نماید و تجمع افراد در یک ناحیه از پلات نشان دهنده تشابه ژنتیکی آنها می باشد.

REFERENCES

- 1-Chalak, L., A. Chehade & A. Kadri. 2007. Morphological characterization of cultivated almonds in Lebanon. *Fruits*, 62: 177-186.
- 2-De Giorgio, D., L. Leo., G. Zacheo & N. Lamascese. 2007. Evaluation of 52 almond (*Prunus amygdalus* Batsch) cultivars from the Apulia region in Southern Italy. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, 82: 541–546.
- 3-Gulcan, R. (Ed.). 1985. Descriptor list for almond (*Amygdalus amygdalus*). (Revised Edn.). International Board for Plant Genetic Resources, Rome.
- 4-Lansari A., A. F. Iezzoni. and D. E. Kester. 1994. Morphological variation within collections of Moroccan almond clones and Mediterranean and North American cultivars. *Euphytica*, 78:27-41.

Study of morphological diversity in some almond cultivars and genotypes

Asghar Mousavi^{1,3}, Zabihollah Zamani¹, Mohamad Reza Fatahi Moghadam¹ and Ali Imani²

1- Dept. of Horticultural Sciences, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Karaj 2- Dept. of Horticultural Researches, Plant and Seed Improvement Institute (PSII), Karaj 3- Dept. of Horticultural Researches, Agriculture and Natural Recourses Research Center, Shahrekord

Abstract

To evaluate morphological diversity of some almond cultivars and genotypes, an experiment was carried out on 55 Iranian and foreign almond genotypes. Twenty-nine quantitative and qualitative characteristics of nuts and kernels and 4 phenotypic characteristics of almond trees were researched. Analysis of variance and means comparisons showed that all of the characteristics in examined cultivars were significant, showing high variability in these cultivars and their characteristics . Results of simple correlation analysis showed the existence of significant, positive and negative correlations among some important traits. Cluster analysis showed that, in distance of 25, all genotypes divided in to 2 main branches. With decrease the distance from 25 to 5, the genotypes divided to 6 main subclusters. Cluster analysis showed that nut length, nut shape, nut weight, shell thickness and hardness, kernel length, kernel shape, kernel weight, kernel percentage and flowering time were the main characteristics that separated the genotypes. Also, factor analysis was used for defining of the determinant factors and the characteristics constituted in each factor. Factor analysis showed that nut length, nut diameter, nut shape, nut weight, kernel length, kernel diameter, kernel shape, kernel weight, shell thickness and hardness, kernel percentage, patterns of outer shell and suture opening of shell were characteristics that constituted the main factors. Effective traits categorized within 9 factors and accounted for 83 % of total variance. Within each factor characters with coefficient value of more than 0.6 were considered significant. Di-plot and tri-plot analyses showed that cultivars and genotypes that had characteristics closer to each others located in the same eras and conformed the same category. Therefore scattering of cultivars and genotypes based on these main factors can help us to define of distance and difference among these cultivars and genotypes.

Keywords: almond, quantitative and qualitative characteristics, correlation of characters, cluster analysis, factor analysis