

تعیین تنوع ژنتیکی در تعدادی از ژنوتیپ های بادام اهلی (*Prunus dulcis*) با استفاده از صفات مورفولوژیک

۱-اله داد سلیم پور (۱)، علی عبادی (۲)، محمد رضا فتاحی مقدم (۳)، محمد رضا رضانی مقدم (۴) و محمد رضا بی همتا (۵)
 ۱- دانش آموخته رشته علوم باغبانی دانشگاه تهران و عضو هیئت علمی جهاد دانشگاهی کاشمر، ۲ و ۳- به ترتیب دانشیار و استادیار گروه علوم باغبانی دانشگاه تهران، ۴- استادیار جهاد دانشگاهی کاشمر، ۵- استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه تهران

چکیده

به منظور گروه بندی و مقایسه ۵۶ ژنوتیپ بادام که هر ژنوتیپ شامل ۲۵ تکرار بود ۹ صفت مورفولوژیک براساس دیسکریپتور قراردادی بادام اندازه گیری شد. این ژنوتیپ ها از استانهای آذربایجان غربی و شرقی، فارس، خراسان و تعدادی از آنها از ایستگاه تحقیقات پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج انتخاب شده بودند. هدف از اندازه گیری این صفات انتخاب تعدادی از ژنوتیپ های برتر برای برنامه های بعدی در جهت اصلاح پایه های بادام بود. بر اساس نتایج بدست آمده از تجزیه کلاستر ژنوتیپ ها در فاصله ۹ در چهار گروه قرار گرفتند که در گروه اول ۱۳ ژنوتیپ و در گروه دوم ۱۰ ژنوتیپ و در گروه سوم پنج ژنوتیپ قرار گرفتند و ۲۸ ژنوتیپ دیگر در گروه چهارم قرار گرفتند. در گروه اول همه ژنوتیپ ها به استثنای دو ژنوتیپ از ایستگاه تحقیقات پردیس و استهبان بقیه از آذربایجان بودند. در گروه دوم به غیر از دو ژنوتیپ از کاشمر و استهبان، بقیه ژنوتیپ ها از آذربایجان بودند. در گروه سوم سه ژنوتیپ از ایستگاه تحقیقات و دو ژنوتیپ از آذربایجان بودند. در گروه چهارم نیز ژنوتیپ های مناطق مختلف قرار گرفتند. بر اساس نتایج بدست آمده از ضریب همبستگی، صفات همبستگی بالائی را با هم نشان دادند و در اکثر صفات همبستگی معنی دار شد. بیشترین میزان همبستگی (۰/۷۴) بین صفات تراکم تاج و انشعاب دهی مشاهده شد که در سطح ۱٪ معنی دار شدند. و همچنین کمترین (۰/۰۷٪) میزان همبستگی بین صفات قدرت رشد و تراکم تاج مشاهده شد.

مقدمه

بادام با نام علمی (*Prunus dulcis* (Mill) D.A.Webb, syn. *Prunus amygdalus* Batsch) متعلق به خانواده *Rosaceae* و زیر خانواده *Pronoideae* می باشد. بادام، یکی از مهمترین محصولات آجیلی خشک میوه های محصولات آجیلی جهان می باشد و تولید آن ارزش اقتصادی بالائی دارد. تولید بادام در سال ۲۰۰۶ حدود ۱۵۷۵۹۰۰ تن بوده است که از این مقدار ۱۰۸۰۰۰ تن آن به کشور ایران تعلق دارد (fao.org/faostate) (http://fao.org/faostate). (بهرتر است این جمله حذف شده و یک یا دو جمله در مورد اهمیت منابع ژنتیکی بادام بخصوص در ایران آورده شود). ایران یکی از مناطق مهم منشا بادام می باشد به طوری که بیش از ۲۷ گونه بادام در ایران شناسایی شده است. جورجیو^۵ و همکاران (۲۰۰۱) در ایتالیا ۸۸ رقم بادام را با استفاده از خصوصیات مورفولوژیک مورد مطالعه قرار دادند. مطالعات دیگری با صفات مورفولوژیک روی سایر محصولات صورت گرفته است که از جمله می توان به بررسی صفات در گردو (لانساری^۶ و همکاران ۲۰۰۱، اسکندری و همکاران ۲۰۰۵)،

⁵.Georgeo

⁶.Lansari

گیلاس و آلبالو (رودریگز^۷ و همکاران ۲۰۰۶) خرمالو (بیلینی^۸ و همکاران ۲۰۰۱) آلبالو (هیلینگ و آیزونی^۹، ۱۹۹۸) و درختان دیگر مانند بادام، انگور و خرما (جورجیو و پلیانگو^{۱۰}، ۲۰۰۱؛ فتاحی و همکاران، ۲۰۰۴؛ جارادات^{۱۱} و همکاران، ۲۰۰۴) اشاره کرد. در این تحقیق ۹ صفت مورفولوژیک در نهالهای یکساله بادام ناشی از ۵۶ خانواده را بر اساس دیسکریپتور^{۱۲} قراردادی بادام (ارائه شده توسط موسسه بین المللی تحقیقات منابع ژنتیک گیاهی^{۱۳} IPGRI) مورد اندازه گیری قرار گرفت تا تنوع ژنتیکی آنها و همبستگی بین صفات تعیین گردد.

مواد و روشها

در این مطالعه ۵۶ ژنوتیپ ظاهراً برتر بادام از نظر قدرت رشد، تحمل به شرایط خشکی و شرایط غرقابی از استانهای آذربایجان شرقی، آذربایجان غربی (جزیره اسلامی) و همچنین در استان فارس و برخی از ژنوتیپ های ایستگاه تحقیقاتی گروه علوم باغبانی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی کرج کرج؟ انتخاب شدند. بذور جمع آوری شده جهت کاشت به گلخانه، سپس به ایستگاه تحقیقاتی گروه علوم باغبانی منتقل شدند. با توجه به یکساله بودن نهالها، صفات مربوط به رشد رویشی بر اساس دیسکریپتور مورد ارزیابی قرار گرفتند. صفت قطر تنه با استفاده از کولیس و بر اساس میلی متر اندازه گیری شد. ارتفاع تنه اصلی و اندازه انشعاب با استفاده از خط کش و بر اساس سانتی متر اندازه گیری شدند. داده های حاصل با نرم افزارهای NTSYS و SPSS تجزیه و سپس مورد تحلیل قرار گرفتند. تجزیه کلاستر با توجه به ۹ صفت و گروه بندی نمونه ها توسط تجزیه تابع تشخیص که به وسیله نرم افزار SPSS و با روش WARD بر حسب فواصل اقلیدسی صورت گرفت انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ های مورد بررسی از نظر اکثر صفات با یکدیگر تفاوت معنی داری نشان می دهند. صفاتی مانند قطر تنه و ارتفاع تنه اصلی که همبستگی بالایی با هم داشتند نتوانستند در تفکیک ژنوتیپ ها موثر باشند. همان طور که انتظار می رفت قدرت رشد با قطر تنه همبستگی بالا و مثبت نشان داد ($r = 0.70$). همبستگی بین عادت رشدی و قطر تنه هم در سطح ۱٪ معنی دار مثبت بود. قدرت رشد با طول شاخه در سطح ۱٪ همبستگی مثبت نشان داد ($r = 0.68$). با توجه به نتایج بدست آمد از ضریب همبستگی بیشترین همبستگی (۰.۷۴٪) بین تراکم تاج و انشعاب دهی بدست آمد که نشان دهنده این است که هر چه انشعاب دهی نهالها بیشتر باشد تراکم تاج بیشتری هم دارند. همچنین دو صفت قدرت رشد و قطر تنه همبستگی در ۰.۷۰٪ نشان دادند که این می تواند نقش تعیین کننده ای در انتخاب ژنوتیپ های برتر داشته باشد. در این تحقیق همچنین کمترین میزان همبستگی بین صفات قدرت رشد و تراکم تاج بدست آمد که نشان دهنده این است که هرچه قدرت رشد بیشتر باشد تراکم تاج کمتر می باشد. در آنالیز کلاستر به خاطر اینکه ژنوتیپ ها نهالهای یکساله بودند و داده های اندازه گیری شده نیز رتبه بندی شده بودند، فقط توانستند ژنوتیپ ها را در چهار گروه قرار دهند.

⁷.Rudrigez

⁸.Belini

⁹.Hilling & Iezzoni

¹⁰.Giorgio & Poliango

¹¹.Jerardat

¹².Discriptor

¹³. Inter.....International Plant Genetic Resources Institute

منابع

1. Bellini, E., Giordani, E., Nencetti, V. and Paffetti, D. 1997. Genetic relationships in Japanese plum cultivars by molecular markers. *Acta Hort.* 479: 53-56.
2. Eskandari, S., Hassani, D. and Abdi, A. 2005. Investigation on genetic diversity of Persian walnut and evaluation of promising genotypes. *Acta Hort.* 705: 159-163.
3. Fatahi, R., Ebadi, A. Vezvaei, A. Zamani, Z. and Ghanadha, M. R. (2004). Relationship among quantitative and qualitative characters in 90 grapevine (*Vitis vinifera*) cultivars. *Acta Hort.* 640: 275- 282.
4. Giorgio, D. and Polignano, G.B. 2001. Evaluating the biodiversity of almond from a germplasm collection field in southern Italy. International soil congeration organization meeting held may 24-29, p 305-311.