

بررسی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپهای جنس فلفل (*Capsicum spp.*) با استفاده از صفات مورفولوژیکی

۱، مریم بهرامی راد^۱ عبدالله محمدی^۱، سحر قاضی زاده

۱، دانش آموخته کارشناسی ارشد باغبانی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج.

۲، استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج

چکیده

فلفل گیاهی است از خانواده *Solanaceae*، که به عنوان طعم دهنده غذا، رنگ دهنده و نیز به دلیل داشتن خواص دارویی متعدد در دنیا مورد توجه است، ولیکن تاکنون در ایران تحقیقی برای شناسایی و ارزیابی ژنوتیپهای فلفل صورت نگرفته است. این آزمایش در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی جنس فلفل با استفاده از ۱۴ صفت مورفولوژیکی بر اساس دیسکریپتور فلفل بر روی ۷۷ ژنوتیپ در قالب آزمایش آگمنت با ۳ بلوک و ۲ شاهد انجام گردید. مهمترین صفات مورد بررسی عبارتند از: طول میوه، عرض میوه، وزن خشک میوه و وزن هزاردانه. در بررسی همبستگی صفات، بیشترین همبستگی مثبت بین عرض میوه و وزن تر میوه (**۰/۸۶۳) مشاهده شد. نتایج تجزیه به عاملها نشان داد، ۴ عامل اصلی و مستقل، ۷۱/۰۲ درصد از تغییرات کل داده ها را توجیه کردند. نتایج تجزیه کلاستر نشان داد در فاصله اقلیدوسی حدود ۸، ۷۷ ژنوتیپ در ۶ گروه قرار می گیرند، ضمناً تنوع ژنتیکی در نمونه ها با پراکنندگی جغرافیایی آنها مطابقت نداشت. بطور کلی نتایج به دست آمده از این تحقیق نشان داد همانطور که صفات مورفولوژیکی، ابزاری کارا و دقیق در طبقه بندی سایر ژنوتیپهای گیاهی هستند می توانند در گروه بندی و تفکیک ژنوتیپهای فلفل نیز مؤثر واقع شوند.

مقدمه

فلفل یک گیاه دارویی و ادویه ای مهم از خانواده *Solanaceae* است که تنوع وسیعی در شکل میوه و تندی آن دارد. این جنس شامل ۲۵ گونه وحشی و گونه اهلی شده است (۲). در زمینه بررسی تنوع ژنتیکی، نشانگرهای مورفولوژیکی بدلیل هزینه انجام پایین و عدم نیاز به تکنیکهای مولکولی یا بیوشیمیایی کمک شایانی به تحقیقات اصلاحی می کنند. در این جنس ارزیابیهای ژنتیکی با استفاده از صفات مورفولوژیکی در مراحل مختلف رشدی انجام می گردد و صفات مربوط به گل، بیشتر برای دسته بندی گونه های فلفل کاربرد دارند (۳). چون در ایران، تحقیقی برای شناسایی ژنتیکی جنس فلفل انجام نشده این تحقیق برای ارزیابی ژنوتیپهای موجود و تعیین دوری و نزدیکی آنها از یکدیگر صورت گرفته است.

مواد و روش ها

این مطالعه بر روی ۷۷ ژنوتیپ با استفاده از ۱۴ صفت (بر اساس دیسکریپتور فلغل) در قالب آزمایش آگمنت با ۳ بلوک و ۲ شاهد انجام شد. بخش اعظم بذور این آزمایش از بانک ژن مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج جمع آوری شده است.

نتایج و بحث

ابتدا داده های مربوط به شاهدها در قالب طرح بلوکهای کامل تصادفی تجزیه شد که به دلیل معنی دار نشدن اثر بلوک، درصفت مورد بررسی تصحیحی صورت نگرفت. نتایج تجزیه همبستگی مشخص کرد بیشترین همبستگی مثبت بین عرض میوه و وزن تر میوه بوده، بین طول میوه با سایر صفات همبستگی معنی داری مشاهده نگردید این امر یافته های سریلاتاکوماری و راجامونی را تایید می کند (۴). بین طول و عرض میوه هیچ همبستگی معنی داری مشاهده نشد که این نتیجه با نتایج تودورو و همکاران که ذکر کرده بودند همبستگی بین طول و عرض میوه معکوس است مطابقت ندارد (۵). بر اساس تجزیه به عاملها، ۴ عامل اصلی، ۷۱/۰۲ درصد تغییرات کل داده ها را توجیه کردند. در عامل اول که ۳۱/۸۱ درصد واریانس کل را توجیه کرد صفات عرض میوه، وزن تر میوه، ضخامت دیواره، وزن خشک میوه، عرض برگ و طول برگ دارای بزرگترین ضرایب عاملی مثبت هستند. در عامل دوم که ۱۵/۱۸ درصد واریانس کل را توجیه کرد صفات ارتفاع گیاه، پهنای چتر و وزن هزاردانه دارای بزرگترین ضرایب عاملی مثبت هستند. در عامل سوم که ۱۳/۱۹ درصد واریانس کل را توجیه کرد طول میوه، طول دم میوه و طول جام گل دارای بزرگترین ضرایب عاملی مثبت هستند. چهارم که ۱۰/۸۳ درصد واریانس کل را توجیه کرد عرض و طول برگ کوتیلدوننی دارای ضرایب عاملی مثبت هستند. نتایج تجزیه کلاستر نشان داد ۷۷ ژنوتیپ در ۶ گروه قرار می گیرند که عبارتند از: گروه ۱: شامل ۲۷ ژنوتیپ که موقعیت جام گل آنها مستقیم بود بجز نمونه های ۶۰، ۷۱، ۳۶، ۵۸ و ۶۰ که موقعیت جام گل متوسط داشتند. گروه ۲: شامل ۵ ژنوتیپ که موقعیت جام گل آنها مستقیم بود. گروه ۳: شامل ۲۲ ژنوتیپ که در اکثر آنها موقعیت جام گل مستقیم بود بجز نمونه های ۲۹، ۳۰، ۴۳ و ۶۶ که موقعیت جام گل متوسط داشتند. گروه ۴: شامل ۲۰ ژنوتیپ، در اکثر آنها موقعیت جام گل مستقیم بود بجز نمونه های ۳۷، ۴۱، ۱۳ و ۳۳ که موقعیت جام گل متوسط و در نمونه ۵۴ موقعیت جام گل به حالت آویزان بود. گروه ۵: شامل یک نمونه که از نوع فلغل زیتنی و رنگ جام گل آن ارغوانی بود. گروه ۶: شامل ۲ ژنوتیپ که دارای موقعیت جام گل مستقیم بودند. ضمناً الگوی پراکنش ژنوتیپها با توزیع جغرافیایی آنها انطباق نداشت.

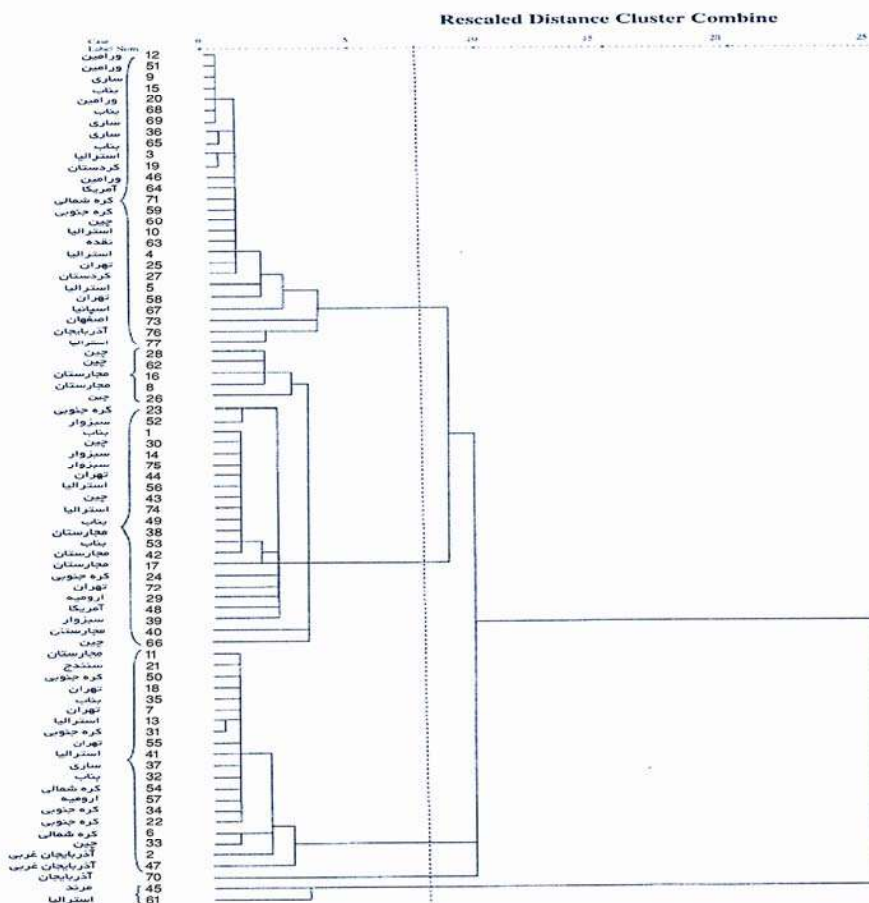
جدول ۱- تجزیه همبستگی صفات کمی

وزن	ضخام	طول	عرض	عرض	عرض	عرض	عرض	عرض	عرض	عرض
ن	ت	طول	عرض	عرض	عرض	عرض	عرض	عرض	عرض	عرض
هزا	جام	دیواره	ک	میوه	دم	میوه	میوه	میوه	برگ	برگ
ردا	گل	میوه	میوه	میوه	میوه	میوه	میوه	میوه	برگ	برگ
نه										

طول برگ ۱

جدول ۲- نتایج تجزیه به عامل ها برای صفات کمی مورد بررسی

صفات	۱	۲	۳	۴
طول برگ	۰/۱۲۷	-۰/۱۵۸	۰/۲۶۲	۰/۷۲۵
کوئیلدونی				
عرض برگ	۰/۰۶۵	۰/۰۶۹	-۰/۱۱۱	۰/۸۵۳
کوئیلدونی				
ارتفاع گیاه	۰/۱۵۱	۰/۷۹۶	۰/۲۷۵	-۰/۱۰۷
پهنای چتر گیاه	-۰/۱۱۲	۰/۷۹۵	-۰/۱۸۱	-۰/۱۵۲
طول برگ	۰/۷۵۵	۰/۴۲۴	۰/۱۸۶	۰/۱۴۰
عرض برگ	۰/۷۸۹	۰/۲۹۶	۰/۲۸۳	۰/۰۸۸



دندروگرام حاصل از بررسی تنوع ژنتیکی ۷۷ ژنوتیپ فلل با استفاده از صفات مورفولوژیکی

منابع

- 1-Bosland P.W & E.j Votava. 1999. Peppers: vegetable and spice capsicums.CABI publishing.
- 2-IPGRI, AVRDC and CATIE. 1995. Descriptors for Capsicum. International Plant GeneticResources Institute, Rome, Italy.
- 3-Sitthiwong. K.,T. Matsui & S. Sukprakarn. 2005. Classification of pepper (*Capsicum annum* L.) accessions by RAPD marker, Biotechnology 4: 305-309.
- 4- Sreelathakumary, N & L. Rajamony.2003. Correlation and path coefficient analysis in bird pepper (*Capsicum frutescense* L.), Capsicum and Eggplant Newsletter. 22: 71-74.
- 5-Todorova V.Y., G.T. Pevicharova & Y. K. Todorov. 2003. Correlation studies for quantitative in red Pepper cultivars for grinding (*Capsicum annum* L.), Capsicum and Eggplant Newsletter, 22: 62-65

Abstract

Pepper belongs to the family of Solanaceae that is being used as a food flavoring , a coloring agent, a pharmaceutical ingredient and in other innovative ways. Because of no fundamental research has been conducted in Iran for evaluation of peppers genetic diversity, this experiment was carried out to evaluation of genetic diversity in pepper genotypes using fourteen morphological traits in Research Station Field of Islamic Azad university of karaj on 77 genotypes. Measuring of traits of pepper genotypes in augmented design with three blocks and two controls were performed based on IPGRI descriptor. Important traits were evaluated such as; Correlation analysis of 1000 seed weight, fruit length, fruit width, fruit dry weight and quantitative traits revealed that the greatest positive correlation observed between fruit width and fruit dry weight (0.863**). The results of factor analysis showed that 4 independent and major factors, explained 71.02% of changes of all data. With using Median Linkage method for Cluster analysis, genotypes in distance of 8 were divided into six sub-clusters, but we didn't find any relationship between this clusters and geographical distribution. This study showed that the evaluated of genotypes have considerable genetic variation and morphological traits can be significant tools for classification and separation of pepper genotypes.