

ارزیابی تنوع خرمالوهای خوراکی مناطق شمال و مرکز ایران براساس صفات پومولوژی

اورنگ خادمی^۱، عرفان سپهوند*^۲ و موسی رسولی^۳

^۱دانشیار گروه باغبانی، دانشکده کشاورزی دانشگاه شاهد، تهران

^۲کارشناس آموزشی و پژوهشی، گروه علوم باغبانی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران

^۳دانشیار گروه علوم باغبانی و فضای سبز، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ملایر، ملایر، همدان

* نویسنده مسئول: esepahvand@ut.ac.ir

چکیده:

در این آزمایش به منظور ارزیابی تنوع پومولوژیکی، تعداد بیست ژنوتیپ خرمالو از مناطق شمالی (شامل استان‌های مازندران و گیلان) و مرکزی (شامل استان‌های تهران و البرز) ایران جمع‌آوری و از نظر برخی صفات میوه و بذر مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که تنوع قابل ملاحظه‌ای بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات پومولوژیکی وجود داشت. در این بین تنوع در صفات بذر به مراتب بیشتر از تنوع در صفات میوه بود. به طوری که بیشترین ضریب تغییرات در قطر بذر (۱۳۵/۲۳٪) و کمترین مقدار آن در عرض میوه (۱۱/۶۸٪) ارزیابی شد. میوه برخی از ژنوتیپ‌ها دارای بذر و برخی فاقد بذر بودند. دامنه تغییرات وزن میوه از ۹۵/۴۴ تا ۲۵۱/۷۶ گرم بوده و از نظر درجه طعم گس، میوه برخی از ژنوتیپ‌ها به طور کامل غیرگس و برخی شدیداً گس بودند. بررسی همبستگی بین صفات نشان داد که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین طول و وزن میوه با ابعاد بذر وجود داشت و میوه‌های دارای بذرهای بزرگ‌تر اندازه بزرگ‌تری نیز داشتند. همچنین درجه طعم گس میوه با صفات بذر همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد، به طوری که میوه‌های دارای بذر طعم گس کمتری نشان دادند. همبستگی بین سفتی بافت و درجه طعم گس میوه معنی‌داری ولی منفی بود. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که چهار عامل اصلی در مجموع ۸۵٪ واریانس کل را توجیه نمودند، در این بین عامل اول به تنهایی ۴۸٪ واریانس کل را شامل شد. تمامی صفات بذر و برخی صفات میوه عوامل موثر در عامل اول بودند. بر اساس تجزیه خوشه‌ای با کاهش فاصله اقلیدسی از ۲۵ به ۵، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه اصلی تقسیم شدند، که از عوامل مهم تفکیک ژنوتیپ‌ها، صفاتی مانند وجود یا عدم وجود بذر، نسبت طول به عرض یا شکل میوه بودند. در حالت کلی سه نوع میوه با اشکال مدور، مخروطی و طولی در بین میوه‌ها قابل تشخیص بود.

واژگان کلیدی: بذر، تجزیه خوشه‌ای، تنوع، خرمالوی ژاپنی، صفات میوه.

مقدمه:

خرمالوی ژاپنی با نام علمی (*Diospyros kaki* Thunb.) معروف‌ترین گونه جنس *Diospyros* از خانواده آبنوس (Ebenacea) بوده که دارای میوه خوراکی می‌باشد (Yonemori et al., 2000). جنس *Diospyros* شامل ۴۰۰ الی ۵۰۰ گونه می‌باشد که اغلب آنها به صورت وحشی و غیر تجاری بوده و در بین گونه‌های این جنس تنها تعداد معدودی برای تولید تجاری میوه حائز اهمیت هستند (Jing et al., 2013). مرکز تنوع اولیه گونه خرمالوی ژاپنی کوه‌های مرکزی چین و مرکز تنوع ثانویه آن ژاپن می‌باشد (Guan et al., 2020). خرمالوی خوراکی در موطن اصلی خود، مناطق شرق آسیا، دارای تنوع بسیار بالایی است، به طوری که در کشور چین بیش از ۹۰۰ رقم خرمالوی ژاپنی وجود دارد و بیش از هزار ژنوتیپ از این گونه جمع‌آوری و در مزرعه ملی بانک ژن خرمالو (NFGP)، واقع در منطقه یانگلینگ، استان شانکسی چین نگهداری می‌شود. با وجودی که عمده توسعه خرمالو در شرق آسیا صورت گرفته است، ولی در سال‌های اخیر کشت و کار خرمالو در مناطق دیگر جهان از قبیل، اسپانیا، ایتالیا، ترکیه، ایالات متحده آمریکا، برزیل و نیوزیلند افزایش یافته است. حتی در سال‌های اخیر کشورهایی همانند آذربایجان و ازبکستان به تولیدکننده و صادر کننده خرمالو تبدیل شده‌اند، به طوری که کشور آذربایجان یکی از عمده صادر کنندگان خرمالو در سطح جهان شناخته می‌شود. برخی از این کشورها ژرم‌پلاسم مختص خرمالو را ایجاد نموده و اصلاح ارقام جدید خرمالو را در دستور کار دارند. برخی از کشورها حتی ارقام تجاری مختص خود را

معرفی و توسعه نموده‌اند. ارقامی همانند رخوربیانته در اسپانیا، کاک‌تیپو در ایتالیا، لامافورته در برزیل و تریوموف از جمله این ارقام معروف هستند (Yesiloglu et al., 2018).

ذخایر توارثی با داشتن تنوع طبیعی از سرمایه‌های بسیار ارزشمند هر کشور هستند و شناخت ماهیت ژنتیکی آن‌ها، از موضوعات مهم و زیربنایی در فعالیتهای به‌نژادی می‌باشد. شناخت تنوع ژنتیکی و طبقه‌بندی ذخایر توارثی در طراحی موفق برنامه‌های به‌نژادی و مدیریت صحیح نگهداری منابع ژنتیکی، نقش بسیار مؤثری دارند (Govindaraj et al., 2015; Houmanat et al., 2021). خرمالو برای سال‌های متمادی در ایران کشت و کار می‌شده است، در سال‌های اخیر نیز انواع باغ‌های جدید خرمالو در مناطق مختلف کشور توسعه پیدا نموده و تولید این محصول افزایش چشمگیر داشته است. با وجود این زمان دقیق ورود خرمالو به ایران و اسامی دقیق ارقام مشخص نبوده و احتمالاً از مناطق مختلف همانند شرق آسیا، روسیه و اروپا وارد کشور شده و توسعه پیدا نموده است. حتی به احتمال نظر به کشت و کار خرمالو در کشور طی سال‌های متمادی این میوه تنوع پیدا نموده و ژنوتیپ‌های جدیدی توسعه یافته است (Houmanat et al., 2021). ولی پژوهش‌های جامعی در خصوص تنوع ژنتیکی خرمالوهای موجود در ایران صورت نگرفته و آن‌گونه که در منابع داخلی رایج است بر اساس منطقه برداشت، نام خرمالو تعیین می‌شود. هدف از انجام این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی خرمالوهای خوراکی مناطق شمالی و مرکز ایران بر اساس صفات میوه جهت بررسی‌های مقدماتی و همچنین پی‌بردن به روابط صفات با یکدیگر به دلیل سادگی و سرعت در انجام اندازه‌گیری‌های صفات مورفولوژیکی بود.

مواد و روش‌ها:

در این آزمایش تعداد بیست ژنوتیپ خرمالوی ژاپنی (جدول ۱) از دو منطقه عمده تولید کننده این میوه در کشور شامل مناطق شمالی (استان‌های مازندران و گیلان) و مناطق مرکزی (استان‌های البرز و تهران) انتخاب و در زمان رسیدن، تعداد بیست میوه از هر ژنوتیپ از قسمت‌های مختلف درخت برداشت و در اسرع وقت به محل انجام آزمایش در دانشگاه شاهد منتقل شدند. ژنوتیپ‌های مختلف بر اساس شکل میوه انتخاب شده و حداقل فاصله بین دو ژنوتیپ با میوه یک شکل ۲۰۰۰ متر در نظر گرفته شد.

نمونه جمع‌آوری شده از مناطق مرکزی				نمونه جمع‌آوری شده از مناطق شمالی			
کد	استان	شهر	ردیف	کد	استان	شهر	ردیف
MA1	البرز	مشکین‌دشت	۱۲	BM1	مازندران	بابل	۱
MA2	البرز	مشکین‌دشت	۱۳	BM2	مازندران	بابل	۲
MA3	البرز	مشکین‌دشت	۱۴	BM3	مازندران	بابل	۳
KA1	البرز	کرج	۱۵	RM1	مازندران	رامسر	۴
KA2	البرز	کرج	۱۶	RM2	مازندران	رامسر	۵
FA	البرز	فردیس	۱۷	RM3	مازندران	رامسر	۶
CT	تهران	چیتگر	۱۸	RM4	مازندران	رامسر	۷
ST1	تهران	شهریار	۱۹	AG1	گیلان	آستانه	۸
ST2	تهران	شهریار	۲۰	AG2	گیلان	آستانه	۹
				RG1	گیلان	رشت	۱۰
				RG2	گیلان	رشت	۱۱

۱۸ ویژگی ریخت‌شناسی روی میوه‌های هر ژنوتیپ ارزیابی و میانگین آنها در نظر گرفته شد. طول میوه، عرض میوه، نسبت طول به عرض میوه، طول بذر، عرض بذر، قطر بذر، اندازه کالیکس با استفاده از کولیس دیجیتالی، وزن میوه و وزن بذر با استفاده از ترازوی دیجیتالی با دقت ۰/۰۱، مقدار مواد جامد محلول با استفاده از دستگاه رفراکتومتر دستی و سفتی بافت میوه با استفاده از دستگاه سفتی دستی و از چهار قسمت استوایی میوه اندازه‌گیری شد. سایر خصوصیات کیفی میوه شامل، شکل میوه، شکل کالیکس، وضعیت آپکس، درجه طعم گس میوه در زمان رسیدن، رنگ میوه، تعداد بذر و وجود لکه‌های قهوه‌ای در گوشت میوه منطبق با روش ذکر شده در Yilmaz و همکاران (۲۰۱۷) کد دهی شد. آمار توصیفی صفات شامل میانگین، حداقل، حداکثر، انحراف معیار و ضریب تغییرات با استفاده

از نرم افزار SPSS (نسخه ۲۱) محاسبه گردید. تجزیه به عامل‌ها با استفاده از تکنیک چرخش عامل‌ها و روش حداکثر واریانس انجام شد. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی ۰/۵ به بالا معنی دار در نظر گرفته شدند. همچنین به منظور مشخص نمودن روابط بین ژنوتیپ‌ها تجزیه خوشه‌ای و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش وارد و بر مبنای مربع فاصله اقلیدسی و محاسبه فواصل بعد از استاندارد کردن داده‌ها انجام گرفت (رسولی و همکاران، ۱۳۹۱).

نتایج و بحث:

نتایج آزمایش نشان داد که صفات مربوط به بذر دارای تنوع بیشتری در مقایسه با صفات میوه بوده و ضریب تغییراتی بالاتری داشتند، به طوری که کمترین ضریب تغییرات در صفات بذر مربوط به تعداد بذر در میوه با مقدار ۱۱۳/۴۲ درصد بود، و سایر صفات بذر ضریب تغییرات حتی بیشتری داشتند (جدول ۲). بیشترین ضریب تغییرات در قطر بذر با مقدار ۱۳۵/۲۳ درصد ارزیابی شد. این در حالی بود که بیشترین ضریب تغییرات در بین صفات میوه در مقدار لکه قهوه‌ای در گوشت میوه با مقدار ۵۳/۲۶ درصد ارزیابی شد. کمترین ضریب تغییرات نیز در عرض میوه با مقدار ۱۱/۶۸ درصد بود. دلیل تنوع بالاتر در خصوصیات بذر نسبت به خصوصیات میوه، عدم وجود بذر در برخی از ژنوتیپ‌ها و وجود بذر در سایر ژنوتیپ‌ها بود. البته در حالت کلی نیز در بیشتر صفات میوه تنوع بالایی وجود داشته و ضریب تغییرات اغلب صفات بالاتر از ۲۵ درصد ارزیابی شد. از بین صفات مهم میوه، میانگین وزن میوه ۱۷۰/۴۳ گرم در این آزمایش اندازه‌گیری شد. کمترین مقدار وزن میوه با مقدار ۹۵/۴۴ گرم در ژنوتیپ FA و بیشترین مقدار وزن میوه با مقدار ۲۵۱/۷۶ گرم در ژنوتیپ BM2 اندازه‌گیری شد. ضریب تغییرات این صفت نیز ۲۷/۷۸ ارزیابی شد. دامنه تغییرات طول میوه از ۴/۰۵ تا ۱۱/۰۵ سانتی‌متر بوده و میانگین این صفت ۶/۳۴ سانتی‌متر ارزیابی شد. کمترین و بیشترین مقدار طول میوه به ترتیب به ژنوتیپ‌های FA و BM1 اختصاص داشت. در این آزمایش همچنین صفت نسبت طول به عرض میوه تنوع قابل ملاحظه‌ای (با مقدار ضریب تغییرات ۳۲/۳۹ درصد) داشته و دامنه نوسانات آن از ۰/۶۳ (RM3) تا ۱/۶۲ (BM1) متنوع بود، که نشان از تنوع در شکل ظاهری میوه‌های خرمالوی موجود در ایران داشت. از نظر درجه طعم گس برخی از ژنوتیپ‌ها به طور کامل غیرگس و برخی شدیداً گس بودند. نکته قابل توجه در این آزمایش وجود تنوع زیاد در صفت سفتی با ضریب تغییرات ۴۴/۶۲ بود، به طوری که بیشترین مقدار سفتی در ژنوتیپ RM1 با مقدار ۱۱۱/۴ نیوتن و کمترین مقدار آن در ژنوتیپ MA2 با مقدار ۱۱/۶ نیوتن ارزیابی شد.

بررسی همبستگی بین صفات نشان داد (داده‌ها نشان داده نشد) که همبستگی مثبت و معنی‌داری بین طول میوه و وزن میوه با ابعاد بذر وجود داشت و میوه‌های دارای بذرهای بزرگتر اندازه نسبی بزرگتری نیز داشتند. همچنین درجه طعم گس میوه با صفات بذر همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد، به طوری که میوه‌های دارای بذر درجه طعم گس کمتری نشان داده و بعضاً کاملاً غیرگس بودند. همبستگی بین سفتی بافت و درجه طعم گس میوه معنی‌داری ولی منفی بود، به این معنی که میوه‌های که نرم‌تر بودند درجه طعم گس کمتری نداشتند و مهمترین شاخص موثر در درجه طعم گس صفات بذر در این آزمایش بود.

جدول ۲: حداقل، حداکثر، میانگین، انحراف معیار و درصد ضریب تغییرات صفات اندازه گیری شده میوه و بذر در ژنوتیپ های خرمالوی ژاپنی.

ردیف	صفات	واحد ارزیابی	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار	ضریب تغییرات
۱	وزن میوه	گرم	۹۵/۴۴	۲۵۱/۷۶	۱۷۰/۴۳	۴۷/۳۶	۲۷/۷۸
۲	طول میوه	سانتی متر	۴/۰۵	۱۱/۰۵	۶/۳۴	۱/۹۵	۳۰/۸۹
۳	عرض میوه	سانتی متر	۴/۷۶	۷/۷۸	۶/۵۷	۰/۷۶	۱۱/۶۸
۴	نسبت طول/عرض	--	۰/۶۳	۱/۶۲	۰/۹۶	۰/۳۱	۳۲/۳۹
۵	سفتی بافت	نیوتن	۱۱/۶	۱۱۱/۴	۶۴/۴	۲۸/۷۵	۴۴/۶۲
۶	موادجامدمحلول	درصد	۱۲/۵۳	۲۳	۱۸/۰۶	۲/۲۴	۱۲/۴۴
۷	درجه گسی	کد	۱	۳	۲/۷	۰/۷۳	۲۷/۱۳
۸	رنگ میوه	کد	۱	۳	۲	۰/۸۵	۴۲/۹۲
۹	شکل میوه	کد	۱	۳	۱/۷	۰/۷۳	۴۳/۰۹
۱۰	لکه گوشت	کد	۱	۳	۱/۵۵	۰/۸۲	۵۳/۲۶
۱۱	اندازه کاسه گل	سانتی متر	۲/۴۹	۶/۳۲	۱/۴	۰/۹۶	۲۳/۵۴
۱۲	شکل کاسه گل	کد	۱	۳	۱/۸	۰/۶۹	۳۸/۶۵
۱۳	وضعیت آپکس	کد	۱	۳	۱/۷۵	۰/۷۸	۴۴/۹۳
۱۴	تعداد بذر در میوه	شمارش	۰	۵	۲/۲۵	۲/۵۵	۱۱۳/۴۲
۱۵	وزن بذر	گرم	۰	۱/۴۴	۰/۵۳	۰/۶۱	۱۱۵/۷۵
۱۶	طول بذر	سانتی متر	۰	۳/۲	۱/۱۲	۱/۳۲	۱۱۷/۲۷
۱۷	عرض بذر	سانتی متر	۰	۱/۲۸	۰/۴۷	۰/۵۵	۱۱۵/۵۵
۱۸	قطر بذر	سانتی متر	۰	۱/۱	۰/۲۲	۰/۳	۱۳۵/۲۳

نتایج تجزیه به عامل ها نشان داد که مجموعاً چهار عامل اصلی که دارای مقادیر ویژه بالاتر از یک بودند، توانستند بیش از ۸۵٪ واریانس کل را توجیه نمایند. در این بین عامل اول به تنهایی ۴۸ درصد واریانس کل را شامل شد (جدول ۳). صفاتی که دارای بیشترین تاثیر در مولفه اول بودند شامل تمامی صفات بذر بودند، هر چند صفاتی همانند طول میوه، نسبت طول به عرض میوه، شکل میوه و وضعیت آپکس نیز در این مولفه تاثیر زیادی نشان دادند. در مولفه دوم صفات بذر تاثیر کمتری نشان داده و صفاتی همانند شکل کاسه گل، وضعیت آپکس، عرض میوه و سفتی بافت میوه بیشترین تاثیر را نشان دادند. در مولفه سوم اغلب صفات میوه و بذر تاثیر نسبتاً مشابهی داشته ولی در این بین صفات اندازه کاسه گل، سفتی بافت و شکل میوه بیشترین تاثیر را نشان دادند. در مولفه چهارم صفات بذر میوه کمترین تاثیر را داشته و در بین صفات میوه بیشترین تاثیر مربوط به صفات عرض میوه و وزن میوه بود.

جدول ۳: تجزیه به عامل‌های اصلی (PCA) برای صفات میوه و بذر خرمالوی ژاپنی.

صفات	عامل اول	عامل دوم	عامل سوم	عامل چهارم
وزن میوه	۰/۵۹۵	-۰/۲۹۶	-۰/۲۳۱	۰/۶۷۱
طول میوه	۰/۸۵۹	۰/۱۵۳	-۰/۲۰۳	۰/۲۱۱
عرض میوه	۰/۱۰۸	-۰/۶۰۳	۰/۱۳۶	۰/۷۵
نسبت طول/عرض	۰/۸۱۴	۰/۴۲۸	-۰/۲۳۲	-۰/۰۹۹
سفتی بافت	۰/۲۹۸	-۰/۶	۰/۴۹۷	-۰/۱۲۱
مواد جامد محلول	-۰/۵۵۵	۰/۴۵۸	۰/۰۶۷	-۰/۰۷۰
درجه گسی	-۰/۵۹	۰/۵۱۹	-۰/۱۲۳	۰/۳۳۲
رنگ میوه	-۰/۵۷۳	۰/۵۲۱	۰/۳۱۲	۰/۲۰۲
شکل میوه	۰/۷۷۴	۰/۴۰۲	-۰/۴۳۱	-۰/۰۵۲
لکه گوشت	۰/۶۶۶	-۰/۵۸	۰/۰۰۲	-۰/۱۰۴
اندازه کاسه گل	۰/۲۹۴	-۰/۵۱۴	-۰/۵۹۶	-۰/۰۴۳
شکل کاسه گل	-۰/۰۶۶	۰/۸۳۴	۰/۱۶۳	۰/۳۸۵
موقعیت آپکس	۰/۷۵۲	۰/۷۳	-۰/۳۳۷	-۰/۰۸۶
تعداد بذر در میوه	۰/۹۱۵	۰/۱۶۸	۰/۳۰۸	-۰/۰۴۹
وزن بذر	۰/۹۳۷	۰/۲۳۴	۰/۲۱۳	-۰/۰۱۳
طول بذر	۰/۹۳۲	۰/۲۶۴	۰/۱۶۳	-۰/۰۰۴
عرض بذر	۰/۹۱۱	۰/۱۹۳	۰/۳۲	۰/۰۳۹
قطر بذر	۰/۸۴	-۰/۰۴۵	۰/۳۸۹	-۰/۰۴۴
مقادیر ویژه	۸/۶۵۶	۳/۶	۱/۶۳	۱/۴۱۵
درصد واریانس کل	۴۸/۰۹	۲۰	۹/۰۶	۷/۸۶
درصد واریانس تجمعی	۴۸/۰۹	۶۸/۰۹	۷۷/۱۶	۸۵/۰۲

نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که در فاصله ۱۵ اقلیدوسی، ژنوتیپ‌ها به دو گروه مشخص تقسیم شدند. همچنین ژنوتیپ‌های گروه دوم در فاصله ۱۰ اقلیدوسی به دو زیر گروه مجزا تقسیم گردیدند. با کاهش فاصله از ۱۰ به ۵ اقلیدوسی ژنوتیپ‌ها به چهار گروه اصلی تقسیم شدند که وجود و عدم موجود بذر در میوه و شکل میوه از صفات مهم در گروه بندی ژنوتیپ‌ها بودند (شکل ۱).

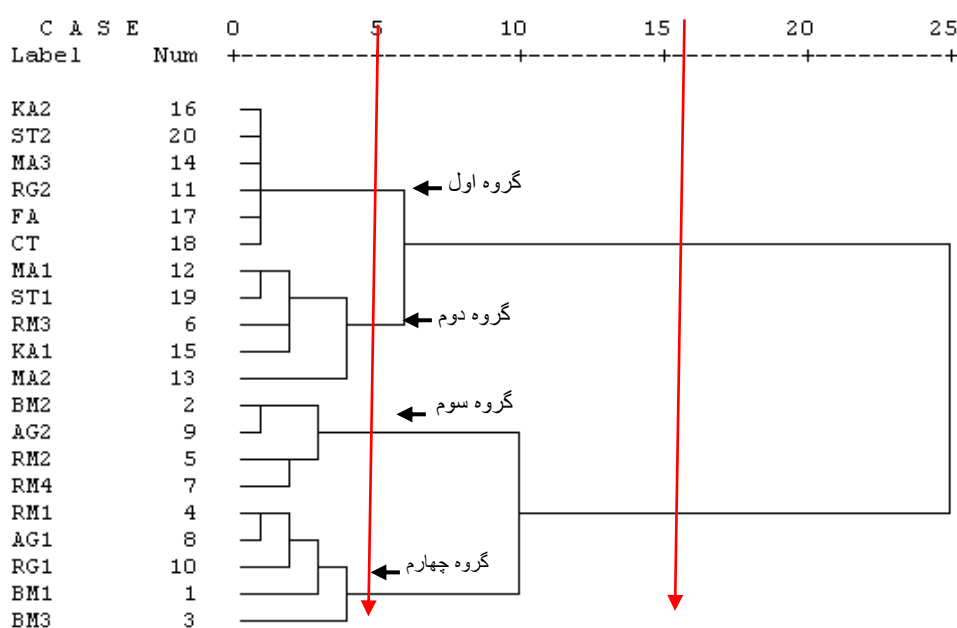
گروه اول شامل ژنوتیپ‌های KA2, ST2, MA3, RG2, FA, CT بودند. در گروه اول به غیر از ژنوتیپ RG2 که از شهرستان رشت، استان گیلان جمع آوری شده بود، بقیه ژنوتیپ‌ها متعلق به استان‌های البرز و تهران بودند که نزدیکی جغرافیایی به یکدیگر داشتند. بررسی بیشتر نشان داد که تمامی ژنوتیپ‌های گروه اول دارای میوه‌های مدور بودند.

گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های MA1, ST1, RM3, KA1, MA2 بودند. ژنوتیپ‌های گروه دوم از نظر جغرافیایی قرابت نزدیکی با گروه اول داشتند، به طوری که در گروه دوم به غیر از ژنوتیپ RM3 که از شهرستان رامسر، استان مازندران جمع آوری شده بود، سایر ژنوتیپ‌ها از استان‌های البرز و تهران جمع آوری شده بودند. عمده ژنوتیپ‌های گروه دوم دارای میوه‌های مخروطی شکل بودند. تمامی ژنوتیپ‌های گروه‌های اول و دوم بدون توجه به محل جمع آوری آن‌ها، فاقد بذر بودند.

گروه سوم شامل ژنوتیپ‌های BM2, AG2, RM2, RM4 بودند. تمامی ژنوتیپ‌های این گروه دارای بذر بوده و از منطقه شمال کشور جمع آوری شده بودند. همچنین با بررسی دقیق‌تر مشخص گردید که ژنوتیپ‌های گروه سوم عمدتاً دارای میوه‌های کشیده هستند.

گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های RM1، AG1، RG1، BM1، BM3 بود که همگی از مناطق شمالی کشور جمع‌آوری شده بودند، و ژنوتیپ‌های این گروه عمدتاً میوه‌های مخروطی داشتند. ژنوتیپ‌های گروه‌های سوم و چهارم همگی دارای بذر بودند. از آنجایی که در فاصله ۱۵ اقلیدوسی، گروه‌های اول و دوم با هم و گروه‌های سوم و چهارم با هم گروه‌بندی می‌شوند، بنابراین به نظر می‌رسد عامل اصلی گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها حضور بذر در میوه بوده و عامل ثانویه شکل میوه‌ها می‌باشد. به طور مشخص در این آزمایش سه نوع میوه با اشکال مدور، مخروطی و کشیده (با نام رایج موزی در منطقه شمال کشور) تشخیص داده شدند. بیشتر این میوه‌ها نیز در کنار یکدیگر گروه‌بندی شدند. میوه‌های مدور و مخروطی در هر دو منطقه مرکز و شمال کشور وجود داشته ولی میوه‌های کشیده صرفاً در شمال کشور شناسایی شدند.

در میوه خرما مشخص شده است جنسیت گل‌ها تحت تاثیر شرایط اقلیمی، شرایط جغرافیایی و شرایط تغذیه‌ای تغییر می‌کند که این امر روی تشکیل بذر در میوه موثر می‌باشد، به همین دلیل میوه یک رقم ممکن است در یک منطقه به صورت بکرزایی تشکیل شده و فاقد بذر باشد ولی در منطقه دیگر بذر دار گردد (Woodburn and Andersen 1996). در این آزمایش بیشتر میوه‌های جمع‌آوری شده از منطقه شمال کشور دارای بذر بودند، هر چند میوه‌هایی نیز در شمال شناسایی شدند که فاقد بذر بودند. تمامی میوه‌های جمع‌آوری شده از مرکز ایران فاقد بذر بودند. از آنجایی که اقلیم شمال ایران نیمه‌گرمسیری بوده و اقلیم مرکز ایران معتدل می‌باشد بنابراین این احتمال وجود دارد که عامل اصلی بذر دار شدن عمده خرما‌لوه‌های شمال ایران به دلیل شرایط اقلیمی بوده و ناشی از تفاوت ژنتیکی نمی‌باشد. چرا که دو ژنوتیپ جمع‌آوری شده از شمال کشور که فاقد بذر بودند در گروه اول و دوم با ژنوتیپ‌های مرکز کشور گروه‌بندی شدند. بررسی تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگرهای مولکولی که تحت تاثیر شرایط اقلیمی قرار نمی‌گیرند بهتر می‌تواند تنوع ژنتیکی خرما‌لوه در ایران را نشان دهد (Guan et al., 2020; Yamagishi et al., 2005).



شکل ۱: کلاستر ژنوتیپ‌های خرما‌لوه حاصل از بررسی صفات میوه و بذر با استفاده از مربع فواصل اقلیدسی و روش Ward.

اطلاع و آگاهی در مورد خصوصیات رشدی و عملکرد، خصوصیات گلدهی، میوه‌دهی و صفات مربوط به میوه و بذر خرما‌لوه جهت گزینش ژنوتیپ‌های برتر از نظر اصلاح گران مهم می‌باشد. در برنامه‌های اصلاحی درختان میوه هدف اصلی از بررسی تنوع مورفولوژیکی گزینش ارقام و ژنوتیپ‌های برتر پس از ارزیابی‌های ریخت‌شناسی بر اساس صفات مهم و در گام بعدی استفاده از آنها در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد. بر اساس نتایج بدست آمده اکثر ژنوتیپ‌ها در صفات مورفولوژیکی اندازه‌گیری شده با یکدیگر تفاوت معنی‌دار داشته و

برخی از آن‌ها مثل خصوصیات بذر و میوه دارای ضریب تغییرات بالایی بودند. نتایج بدست آمده از این تحقیق در مقایسه با سایر درختان میوه مطابقت داشت به طوری که موسوی و همکاران (۱۳۸۸) و رسولی و همکاران (۱۳۹۱) در زمینه تاثیر صفات میوه و مغز در تفکیک ارقام و ژنوتیپ‌های مختلف بادام نشان دادند که خصوصیات میوه و مغز شامل طول، شکل و وزن میوه و مغز، درصد مغز و زمان گلدهی از جمله صفات مهم در تفکیک ارقام و ژنوتیپ‌ها از یکدیگر بود.

منابع

- رسولی م.، فتاحی مقدم م.ر.، زمانی ذ.، ایمانی ع.، و ع. عبادی، ۱۳۹۱. بررسی تنوع فنوتیپی برخی از ارقام و ژنوتیپ‌های بادام با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی. مجله علوم باغبانی ایران. ۴۳: ۳۵۷-۳۷۰.
- موسوی قهفرخی، ا.، فتاحی مقدم، م.ر.، زمانی، ذ.، و ایمانی، ع. ۱۳۸۸. ارزیابی خصوصیات کمی و کیفی بعضی از ارقام و ژنوتیپ‌های بادام. مجله علوم باغبانی. ۴۱: ۱۱۹-۱۳۱.
- Guan, C.S., Chachar, P., Zhang, C., Hu, R., Wang, and Y. Yang. 2020. Inter-and Intra-Specific Genetic Diversity in *Diospyros* Using SCoT and IRAP Markers. Hort. Plant J, 6: 71-80.
- Houmanat, K.K., Abdellah, L., Hssaini, R., Razouk, H., Hanine, S., Jaafary, and J. Charafi. 2021. Molecular diversity of Walnut (*Juglans regia* L.) among two major areas in Morocco in contrast with foreign varieties. Int. J. Fruit Sci, 2021: 1-13.
- Jing, Z.X., Ruan, R., Wang, and Y. Yang. 2013. Genetic diversity and relationships between and within persimmon (*Diospyros* L.) wild species and cultivated varieties by SRAP markers. Plant Syst. Evol, 299: 1485-1492.
- Woodburn, K.R., and P.C. Andersen. 1996. Pollination and pollen source influence fruit of oriental persimmon 'Fuyu' and 'Tanenashi'. HortSci. 31: 218-221.
- Yamagishi, M.S., Matsumoto, A., Nakatsuka, and H. Itamura. 2005. Identification of persimmon (*Diospyros kaki*) cultivars and phenetic relationships between *Diospyros* species by more effective RAPD analysis. Sci. Hort. 105: 283-290.
- Yesiloglu, T.B., Cimen, M., Incesu, and B. Yilmaz. 2018. Genetic diversity and breeding of persimmon. In: Soneji, J., and M. Nageswara-Rao (Eds.). Breeding and Health Benefits of Fruit and Nut Crops. Intech Open Limited, London.
- Yilmaz B.A., Genc, B., Cimen, M., Incesu, and T. Yesiloglu. 2017. Characterization of morphological traits of local and global persimmon varieties and genotypes collected from Turkey. Turk. J. Agric. For. 41: 93-102.
- Yonemori K.A., Sugiura, and M. Yamada. 2000. Persimmon genetics and breeding. Plant Breed. Rev. 19: 191-225.

Evaluation of diversity of edible persimmons in northern and central parts of Iran based on pomological traits

Orang Khademi¹, Erfan Sepahvand*² and Mousa Rasouli³

¹Associate Professor of Department of Horticulture, Faculty of Agriculture, Shahed University, Tehran

²Department of Horticultural Science, Collage of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran

³Associate Professor of Horticulture & Landscape Engineering Department, Faculty of Agriculture, Malayer University, Malayer, Hamedan

*Corresponding Author: *esepahvand@ut.ac.ir

Abstract

In this experiment, in order to evaluate the pomological diversity, twenty persimmon genotypes, from northern (Mazandaran and Gilan provinces) and central (Tehran and Alborz provinces) parts of Iran, were collected and evaluated according to some fruit and seed traits. The results showed that there was a considerable diversity among the genotypes in terms of pomological traits. Meanwhile, the diversity in seed traits was far greater than the diversity in fruit traits. So that, the highest coefficient of variation was observed in seed diameter (135.23%), while, the lowest value was observed in fruit width (11.68%). The fruit of some genotypes was seeded and the fruit of some genotypes were seedless. The variation of fruit weight ranged from 95.44 to 251.76 g, and in terms of astringent taste, some genotypes were highly astringent, however, some genotypes were completely non-astringent. The study of correlation between traits showed that there was a positive and significant correlation between fruit length and fruit weight with seed dimensions, and fruits with larger seeds had larger size too. Also, the astringent taste of fruit showed a negative and significant correlation with seed traits, so that, seeded fruits had less astringent taste. The correlation between tissue firmness and fruit astringent taste was significant but negative. The results of PCA showed that the four main factors explained 85% of the total variance, and among which the first factor alone explained 48% of the total variance. All seed traits and some fruit traits were effective in the first factor. Based on cluster analysis, genotypes were divided into four main groups, traits such as the presence or absence of seeds and length to width ratio or fruit shape were the important factors in separation of the genotypes. In general, three types of fruits shape, including round, conical and elongated could be distinguished among the fruits.

Keywords: Cluster analysis, Diversity, Fruit traits, Japanese persimmon, Seed.