

گزارشی از طرح جامع جمع‌آوری، ارزیابی و بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی گونه‌های وحشی بادام در دانشگاه شیراز

علی قرقانی^{۱،۲*}

^۱بخش علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز

^۲مرکز مطالعات خشکسالی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز

*نویسنده مسئول: agharghani@shirazu.ac.ir

چکیده

ایران یکی از مراکز تنوع و همچنین یکی از تولیدکننده‌های مهم بادام در جهان است. ذخایر ژنتیکی وحشی بادام ایران دارای ویژگی‌های ارزشمندی هستند می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار گیرد. برنامه پژوهشی جامعی در دانشگاه شیراز با هدف جمع‌آوری، ارزیابی و بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی گونه‌های وحشی بادام در حال اجرا است که در این مقاله نتایج مهم آن گزارش خواهد شد. بر مبنای نتایج این پروژه تنوع زیادی بین گونه‌های بادام مطالعه شده به ویژه جمعیت‌های *P. scoparia*، در صفات خشک میوه، مغز و دانه‌ها وجود دارد. در بررسی روابط ژنتیکی جمعیت‌های بادام اهلی و وحشی در دو کلاستر متفاوت قرار گرفتند و کلاستر اصلی جمعیت وحشی نیز بر اساس گونه و نزدیکی جغرافیایی از همدیگر تفکیک شدند. گونه‌های بادام مطالعه شده در پاسخ به تنش آبی و ریکاوری پاسخ‌های متفاوتی داشتند و گونه *P. scoparia*، به طور معنی‌برتر بود. مقدار وراثت‌پذیری اندازه خشک‌میوه و مغز و درصد تشکیل میوه در هر دو گونه *A. eleagnifolia* و *A. scoparia* بسیار بالا (>70%) و درصد تشکیل میوه مهم‌ترین صفت مؤثر بر عملکرد. گونه‌های وحشی به‌ویژه دورگه‌های بین‌گونه‌ای طبیعی آنها با دو پیوندک آلو و بادام سازگار بوده و در صفات رشدی و فیزیولوژیکی و همچنین جذب عناصر غذایی تنوع نشان دادند. نیاز سرمایی ژنوتیپ‌های مطالعه شده گونه‌های *A. eleagnifolia* و *A. scoparia* بین ۳۱۳ تا ۶۸۲ واحد سرمایی و نیاز گرمایی آنها بین ۲۷۳۷ تا ۹۱۴۹ درجه رشد ساعت بود. بالاترین و پایین‌ترین مقاومت به سرما هم به ترتیب در شکوفه‌های ژنوتیپ زودگل ارژن (۵/۳- درجه سلسیوس) و بادام کوهی دیرگل (۳/۸- درجه سلسیوس) بود.

کلمات کلیدی: ذخایر ژنتیکی، بادام وحشی، وراثت‌پذیری، نیاز سرمایی، پیوند

مقدمه

بادام با نام علمی *Prunus dulcis* (Mill.) D.A. Webb متعلق به خانواده Rosaceae و از جنس *Prunus* و زیر جنس *Amygdalus* می‌باشد. بادام یکی از مهم‌ترین میوه‌های خشک و آجیلی است که به‌طور گسترده‌ای در سراسر جهان پراکنده شده و در مقیاس وسیع کشت و کار می‌شود. بادام بومی مناطق گرم و خشک خاورمیانه به‌ویژه ایران است که به‌وسیله مصری‌ها، یونانی‌ها و رومی‌ها به شمال آفریقا و جنوب اروپا گسترش یافته است (Martínez-Gómez et al., 2007). ایران یکی از موطن‌های اصلی و منبع غنی از ژرم پلاسما بادام است، به‌طوری‌که تاکنون ۲۳ گونه وحشی بادام و هفت دورگ بین‌گونه‌ای شناسایی شده است (Rahemi et al., 2012). ایران همچنین یکی از تولیدکننده‌های مهم بادام در جهان می‌باشد به طوری‌که در سال ۲۰۱۷ سطح زیر کشت بادام در ایران ۱۵۶۸۲۲ هکتار و میزان تولید بادام ۱۳۹۰۲۹ تن گزارش شده است و ایران در تولید بادام پس از آمریکا و اسپانیا رتبه سوم در سطح جهان را به خود اختصاص داده است (FAO, 2017).

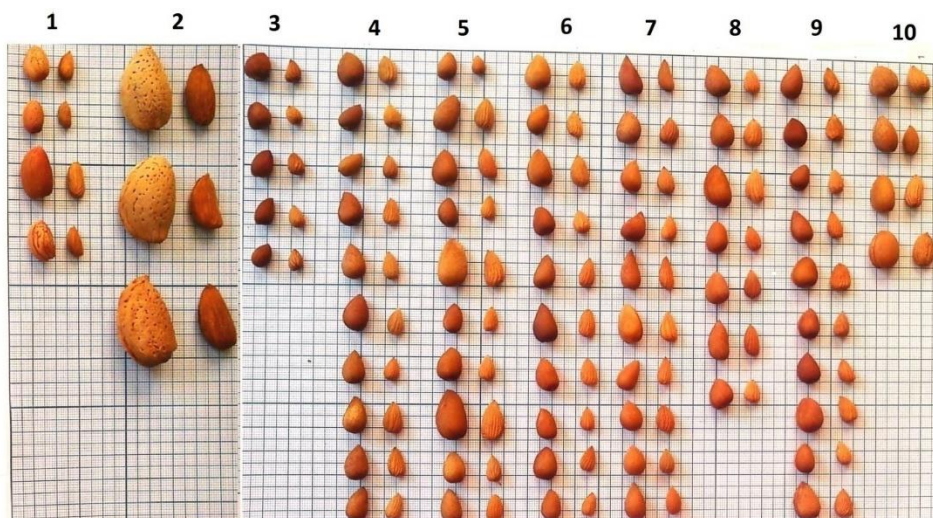
ذخایر ژنتیکی وحشی و بومی بادام در ایران دارای ویژگی‌های مفیدی نظیر دیرگلی، تحمل به تنش‌های غیرزیستی مثل خشکی، شوری و سرما و مقاومت در برابر آفات و بیماریها هستند که با شناسایی آنها می‌توان از این ویژگی‌ها در برنامه‌های به‌نژادی ارقام و پایه‌ها استفاده نمود. یکی از مصارف اصلی این گونه‌ها کاربرد آنها به‌عنوان پایه برای بادام و برخی از میوه‌های هسته دار مثل آلو برای

کنترل رشد تاج و همچنین تحمل در برابر خشکی به‌ویژه در شرایط دیم است (Gharaghani et al., 2017). مقاومت در برابر خشکی، گرما، باد و خاک‌های شور از خصوصیات مهم اکولوژیک بادام‌های وحشی است که در مناطق نیمه بیابانی نقش ویژه‌ای در کاهش فرسایش خاک و کنترل رواناب دارند. برخی گونه‌ها مثل *P. scoparia* در فضای سبز به‌ویژه کمربند سبز شهری و همچنین به‌عنوان خشکیار پس از فرایند شیرین کردن مغز آن‌ها و یا صمغ آنها (صمغ فارس) در صنایع غذایی و دارویی مورد توجه هستند (Gharaghani & Eshghi, 2014).

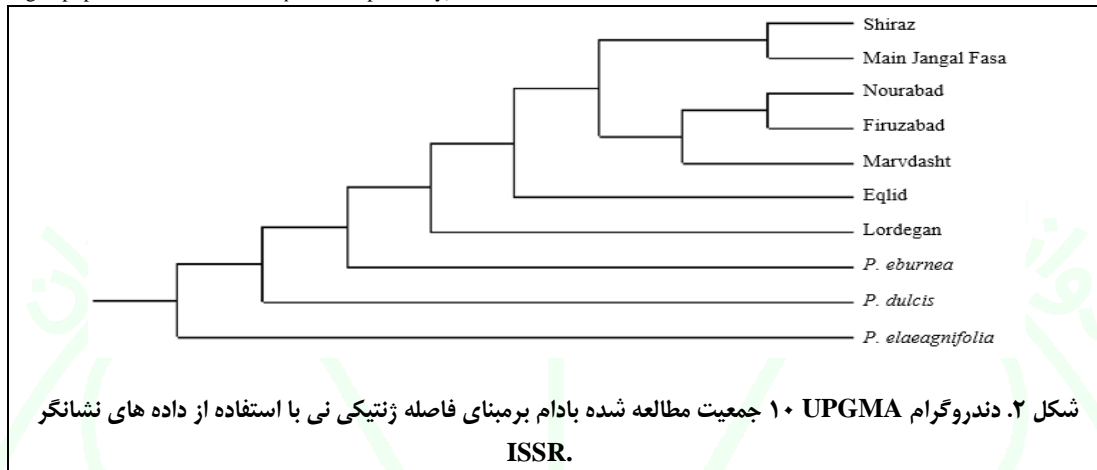
از آن جایی که ایران به‌عنوان مهم‌ترین خزانه ژنی برای گونه بادام محسوب می‌شود و در ایران نیز منطقه زاگرس جنوبی شامل استان فارس و مناطق همجوار آن یکی از مراکز اصلی تعدادی از گونه‌های ارزشمند بادام می‌باشد، در سال‌های اخیر یک برنامه پژوهشی بسیار جامع در دانشگاه شیراز با هدف جمع‌آوری، ارزیابی و بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی تعدادی از گونه‌های وحشی بادام طراحی و در حال اجرا است که در ادامه به برخی از نتایج مهم آن اشاره خواهد شد.

بررسی تنوع فنوتیپی و ژنتیکی برخی گونه‌های وحشی بادام

در یک مطالعه جامع تنوع فنوتیپی و ژنتیکی ۷۵ ژنوتیپ شامل هفت جمعیت از گونه *P. scoparia* در مقایسه با سه گونه دیگر بادام شامل *P. elaeagnifolia*، *P. eburnea* و *P. dulcis* جمع‌آوری شده از استان‌های فارس و چهارمحال و بختیاری ارزیابی شد. برای این منظور خصوصیات فنوتیپی مغز و خشک میوه و تنوع مورفولوژیکی دانه‌های رشد یافته از بذر مورد مطالعه قرار گرفت. از نشانگر ISSR نیز برای بررسی تنوع ژنتیکی مواد گیاهی مورد مطالعه، استفاده شد. نتایج نشان داد که تفاوت زیادی بین گونه‌های بادام و همچنین جمعیت‌های *P. scoparia* تقریباً در تمام صفات اندازه‌گیری شده خشک میوه، مغز (شکل ۱) و دانه‌ها وجود دارد. در بین جمعیت‌های *P. scoparia* شیراز از نظر بسیاری از صفات خشک میوه و مغز به‌عنوان جمعیت برتر شناخته شد (Rahimi Devin et al., 2018). با در نظر گرفتن صفات دانه‌ها، نیز تنوع زیادی بین گونه‌ها و همچنین بین جمعیت‌های *P. scoparia* مشاهده شد. نتایج تجزیه کلاستر و تجزیه بای پلات با یکدیگر هم‌خوانی داشته و همه جمعیت‌های مطالعه شده در دو کلاستر اصلی جمعیت‌های اهلی و جمعیت‌های وحشی قرار گرفتند که در آن کلاستر اصلی جمعیت وحشی بر اساس گونه و نزدیکی جغرافیایی به زیر گروه‌هایی تقسیم شدند (Rahimi Devin et al., 2021). در تجزیه کلاستر داده‌های نشانگر ISSR نیز مواد گیاهی مورد مطالعه بر اساس گونه مجزا گردید (شکل ۲) که این نتایج در راستای نتایج تجزیه کلاستر صفات مورفولوژیکی بود اما دارای قدرت تفکیک بیشتری نسبت به گروه بندی بر اساس صفات مورفولوژیکی بود (Rahimi Devin et al., 2020).



شکل ۱. تنوع مورفولوژیک خشک میوه (راست) و مغز (چپ) همه ژنوتیپ های ۱۰ جمعیت جمع آوری شده از نواحی مختلف منطقه زاگرس جنوبی ایران (1. *Prunus elaeagnifolia*; 2. *P. dulcis*; 3. *P. eburnea*; 4-10: Firouz Abad, Shiraz, Marvdasht, Nour Abad, Eqlid, Mian Jangal Fasa and Lordegan populations of *Prunus scoparia*, respectively).



بررسی تحمل به تنش خشکی برخی گونه های وحشی بادام

برای بررسی میزان تحمل به خشکی منابع ژنتیکی گیاهی مورد مطالعه (۷۵ ژنوتیپ شامل هفت جمعیت از گونه *P. scoparia* در مقایسه با سه گونه دیگر بادام شامل *P. elaeagnifolia*، *P. eburnea* و *P. dulcis* جمع آوری شده از استان های فارس و چهارمحال و بختیاری)، از روش تنش خشکی و در پی آن ریکاوری استفاده شد. نتایج آزمایش مقاومت به خشکی نشان داد که تفاوت واضحی در گونه های بادام مطالعه شده در پاسخ به تنش آبی و ریکاوری وجود دارد. به ویژه، گونه *P. scoparia* دارای تحمل به خشکی بالاتر، و همچنین فعالیت آنزیم های آنتی اکسیدانی، میزان قند، محتوی کلروفیل، RWC و همچنین پروتئین بالاتر نسبت به سایر گونه ها بود. رابطه نزدیک بین قند و نشت یونی مشاهده شد که نقش مهم این اسمولیت را در حفظ فعالیت غشا و در نتیجه تحمل به خشکی نشان می دهد (رحیمی دوین، ۱۳۹۸).

ارزیابی تنوع و وراثت پذیری صفات رویشی و زایشی در دو گونه وحشی بادام

در این پژوهش ارزیابی تنوع و وراثت پذیری صفات رویشی و زایشی در دو گونه وحشی بادام *A. eleagnifolia* و *A. scoparia* که به صورت جنگل کشت شده در منطقه باجگاه شیراز وجود داشته انجام گرفت. در این مطالعه ۲۰ ژنوتیپ از هر گونه انتخاب شد و ۳۳ صفت کمی و کیفی مورد ارزیابی قرار گرفت. مقادیر ضرایب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی، وجود تنوع را در ژنوتیپ ها از لحاظ صفات مورد ارزیابی تأیید کرد. محاسبه مقادیر واریانس فنوتیپی، ژنتیکی و محیطی در صفات مورد بررسی نشان داد که در هر دو گونه سهم ژنتیک در بروز تغییرات فنوتیپی بسیار بیشتر از اثرات محیطی است. مقدار وراثت پذیری برای صفات مهمی از جمله ابعاد خشک میوه و مغز و درصد تشکیل میوه نهایی در هر دو گونه بالا ($>70\%$) بود. ضرایب همبستگی ساده وجود همبستگی های مثبت و منفی معنی داری را بین برخی از صفات مهم نشان داد. نتایج واکاوی به مولفه های اصلی در هر دو گونه نشان داد که صفات برگ و میوه هر دو در توصیف اختلاف میان ژنوتیپ ها مؤثر هستند. نتایج حاصل از همبستگی ساده، رگرسیون گام به گام و واکاوی ضرایب مسیر نشان داد که میزان درصد تشکیل میوه نهایی مهم ترین صفت توجیه کننده تغییرات عملکرد است (Ansari and Gharaghani, 2019).

بررسی سازگاری پیوندی برخی گونه‌های اهلی و وحشی بادام

در این مطالعه برهمکنش ترکیبات پیوندی مختلف شامل دو پیوندک بادام 'نان پاریل' و 'آلوی شابرون' و ۹ پایه بذری مختلف شامل گونه‌های اهلی و وحشی بادام و همچنین برخی دورگه‌های بین‌گونه‌ای آن‌ها طی دو سال متوالی ارزیابی شد. نتایج اندازه‌گیری‌های رویشی در مرحله پیش از پیوند نشان داد که پایه دورگه هلو × بادام (GF677) و گونه بادام خاکستری (*Prunus eburnea*) به ترتیب بیشترین و کمترین میزان شاخص‌های رشد را داشتند. بیشترین و کمترین درصد گیرایی نهایی پیوندک بادام به ترتیب مربوط به پایه‌های بادام تلخ (۸۱٪) و دورگه هلو × بادام (GF677) (۲۶٪) بود. در مورد پیوندک آلو نیز بیشترین و کمترین درصد گیرایی نهایی به ترتیب مربوط به پایه‌های بادام تلخ (۸۲٪) و دورگه هلو × بادام (GF677) (۱۴٪) بود (جدول ۱). بیشترین و کمترین مقادیر ارتفاع و قطر تنه در هر دو پیوندک به ترتیب بر روی پایه‌های دورگه بادام اهلی × ارژن و بادام کوهی مشاهده شد. در رابطه با اثر پایه بر میزان جذب عناصر غذایی، بیشترین مقدار جذب پتاسیم را پایه‌های دورگه بادام اهلی × ارژن و کمترین آن را دورگه ارژن × بادام اهلی داشت، بیشینه و کمینه میزان فسفر را به ترتیب پایه‌های دورگه ارژن × بادام کوهی و بادام کوهی داشتند. پایه دورگه ارژن × بادام کوهی بیشترین مقدار جذب روی و پایه دورگه هلو × بادام کمترین جذب این عنصر را داشت. بیشترین جذب منگنز در پایه‌های دورگه هلو × بادام و کمترین میزان آن در دورگه ارژن × بادام کوهی اندازه‌گیری

جدول ۱- مقایسه میانگین اثر متقابل و اثرات اصلی پایه و پیوندک بر درصد گیرایی اولیه و نهایی

پایه دانه‌الی	درصد گیرایی اولیه (تیرماه)			درصد گیرایی نهایی (مهرماه)		
	پیوندک آلو	پیوندک بادام	میانگین	پیوندک آلو	پیوندک بادام	میانگین
GF677 (<i>P. dulcis</i> × <i>P. persica</i>)	h ۲۲/۰۶	fg ۶۶/۴۳	E ۴۴/۲۵	i ۱۴/۶۶	h ۳۶/۶۰	F ۲۵/۶۳
<i>P. elaeagnifolia</i> (ارژن)	abc ۹۱/۹۰	cd ۸۳/۶۶	BC ۸۷/۷۸	abc ۷۹/۳۳	bcd ۷۳/۳۶	AB ۷۶/۳۵
<i>P. dulcis</i> × <i>P. elaeagnifolia</i>	ef ۷۱/۱۰	g ۶۰/۴۰	D ۶۵/۷۸	h ۳۵/۱۰	g ۴۶/۰۳	E ۴۰/۵۶
<i>P. scoparia</i> × <i>P. elaeagnifolia</i>	cd ۸۳/۴۰	bc ۸۷/۳۰	C ۸۵/۳۵	cd ۷۱/۵۰	abc ۷۸/۴۳	B ۷۴/۹۶
<i>P. scoparia</i> (بادام کوهی)	de ۷۵/۴۰	fg ۶۵/۰۶	D ۷۰/۲۳	f ۵۴/۸۳	f ۵۶/۳۰	D ۵۵/۵۶
<i>P. dulcis</i> var. <i>amara</i> (بادام تلخ)	ab ۹۵/۶۶	abc ۸۸/۴۳	AB ۹۲/۰۵	a ۸۲/۵۰	ab ۸۰/۴۶	A ۸۱/۴۸
<i>P. elaeagnifolia</i> × <i>P. dulcis</i>	abc ۹۰/۵۰	a ۹۶/۹۰	AB ۹۳/۷۰	abc ۷۶/۴۰	abc ۷۷/۳۳	AB ۷۷/۰۶
<i>P. elaeagnifolia</i> × <i>P. scoparia</i>	abc ۹۱/۲۳	a ۹۶/۸۳	A ۹۴/۰۳	de ۶۷/۹۰	ef ۶۱/۵۰	C ۶۴/۷۰
میانگین	B ۷۷/۶۶	A ۸۰/۶۳		B ۶۰/۲۷	A ۶۳/۸۰	

میانگین‌های دارای حرف‌های متفاوت (حرف‌های کوچک برای برهمکنش‌ها و حرف‌های بزرگ برای اثرهای اصلی) در سطح احتمال ۵٪ آزمون چند دامنه‌ای دانکن دارای تفاوت معنی‌داری هستند.

شد. بیشترین مقدار آهن مربوط به پایه بادام تلخ و کمترین آن مربوط به پایه دورگه ارژن × بادام اهلی بود.

تعیین نیاز سرمایی و گرمایی برخی از ژنوتیپ‌های دو گونه وحشی بادام

این پژوهش به منظور تعیین نیاز سرمایی و گرمایی برخی از ژنوتیپ‌های وحشی بادام و همچنین بررسی نقش کربوهیدرات‌ها و پروتئین در تنظیم نیاز سرمایی صورت گرفت. علاوه بر این مقاومت به سرمای بهاره شکوفه ۴ گونه پرونوس شامل بادام اهلی، بادام کوهی، ارژن و زردآلو مورد بررسی قرار گرفت. جهت تعیین میزان نیاز سرمایی هر ژنوتیپ از دو روش آزمایشگاهی و مزرعه‌ای استفاده شد. در روش مزرعه‌ای نیاز سرمایی ژنوتیپ‌های وحشی بادام در حدود ۳۱۳ تا ۶۸۲ واحد سرمایی برآورد شد که بیشترین نیاز سرمایی مربوط به ژنوتیپ زودگل *P. scoparia* بود. همچنین نیاز گرمایی ژنوتیپ‌های مورد بررسی نیز ۲۷۳۷ تا ۹۱۴۹ درجه رشد ساعت بود که بیشترین نیاز گرمایی مربوط به ژنوتیپ دیرگل *P. scoparia* و کمترین نیاز گرمایی مربوط به ژنوتیپ زودگل *P. scoparia* بود (جدول ۲). در شرایط آزمایشگاهی با استفاده از فاکتورهای درصد شکفتن جوانه و تعداد روز تا شکفتن اولین جوانه میزان نیاز سرمایی محاسبه شد. بادام کوهی

پاسخی به این روش نداد اما نیاز سرمایی تمام ژنوتیپ‌های *P. elaeagnifolia* مابین ۳۸۳ تا ۴۵۰ ساعت تعیین شد (امیدی فرد و همکاران، ۱۳۹۸). در بررسی مقاومت به سرما شکوفه‌ها در مرحله پاپ کورن دمای ۵۰ درصد کشتندگی برای تمام ژنوتیپ‌ها با استفاده از شاخص نشت یونی محاسبه شد که بیشترین (۵/۳- درجه سلسیوس) و کمترین (۳/۸- درجه سلسیوس) مقاومت به سرما به ترتیب مربوط به ژنوتیپ زودگل ارژن و بادام کوهی دیرگل بود (جدول ۲) (امیدی فرد و قرقانی، ۱۳۹۸).

جدول ۱-۱ نیاز سرمایی و گرمایی و میزان تحمل به سرما در ژنوتیپ‌های دو گونه بادام وحشی

LT50	نیاز سرمایی			نیاز سرمایی			ژنوتیپ
	تعداد روز	زمان گلدهی	GDH	تعداد روز	واحد سرمایی CU	اندودرمانسی	
۵/۳-	۷۹	۴ مارس	۴۹۸۵	۳۶	۴۱۵	۱۵ دسامبر	ارژن ژنوتیپ زودگل
۴/۲-	۹۷	۹ مارس	۶۶۴۵	۲۳	۳۱۳	۲ دسامبر	ارژن ژنوتیپ متوسط گل
۴/۲-	۱۰۴	۱۸ مارس	۷۷۸۸	۲۵	۳۲۸	۴ دسامبر	ارژن ژنوتیپ دیرگل
۴/۸-	۴۸	۴ مارس	۲۷۳۷	۶۷	۶۸۲	۱۵ ژانویه	بادام کوهی ژنوتیپ زودگل
۴/۳-	۹۷	۱۷ مارس	۷۳۱۴	۳۱	۳۷۱	۱۰ دسامبر	بادام کوهی ژنوتیپ متوسط گل
۳/۸-	۱۱۱	۲۷ مارس	۹۱۴۹	۲۷	۳۴۴	۶ دسامبر	بادام کوهی ژنوتیپ دیرگل

افزایش قلمه‌ای و ریزافزایی برخی نژادگان‌ها و دوره‌های گونه‌های وحشی بادام

با توجه به مشکلات حاصل از کاربرد پایه‌های بذری و غیریکنواخت در باغ‌های بادام و میوه هسته‌دار، استفاده از پایه‌های یکنواخت و سازگار با این درختان الزامی است. در این راستا شناسایی و تکثیر ژنوتیپ‌ها و هیبریدهای بین‌گونه‌ای بومی کشور در قالب یک برنامه مورد توجه قرار گرفت که حاصل آن انتخاب برخی ژنوتیپ‌های برگزیده است که بر مبنای مطالعات مقدماتی رشد رویشی متفاوت، قدرت تحمل خاکهای آهکی، قدرت سازگاری خوب با شرایط کم‌آبی و همچنین پتانسیل بالایی برای ایجاد باغ‌های دیم هستند. چون افزایش رویشی پایه‌ها از طریق روش‌های متداول مثل قلمه و خوابانیدن بسیار سخت است، بنابراین ریز ازدیادی آن‌ها با هدف توسعه پروتکل افزایش درون شیشه‌ای این ژنوتیپ‌های برگزیده از طریق بهینه‌سازی مراحل استقرار، شاخه زایی و سازگاری در شرایط درون شیشه‌ای مد نظر قرار گرفت. در این پژوهش همچنین تحمل به خشکی ژنوتیپ‌ها و هیبریدهای تکثیر شده به روش ریزافزایی در شرایط کشت درون شیشه‌ای ارزیابی خواهد شد. این پژوهش در حال انجام است و نتایج آن در آینده نزدیک منتشر خواهد شد.

بحث و نتیجه گیری

به طور کلی، این مطالعه نشان داد که تنوع قابل توجهی میان ژرم پلاسما گونه‌های بادام وحشی با توجه به بررسی‌های مورفولوژیکی، مولکولی فیزیولوژیکی، مقاومت به خشکی، نیاز سرمایی و سازگاری پیوندی وجود دارد. این گونه‌ها به ویژه *P. scoparia* می‌توانند به عنوان منابع ژنتیکی با ارزشی در برنامه‌های اصلاحی بادام و میوه‌های هسته‌دار به منظور تولید ارقام و پایه‌های جدید، یا به‌طور مستقیم به‌عنوان پایه، و همچنین برای جنگل کاری و کشت در فضای سبز استفاده شود. البته باید خاطر نشان کرد که اندازه کوچک میوه، خودناسازگاری گامتوفیتی و تلخ بودن مزه مهم‌ترین موانع معمول در استفاده از این ذخایر ژنتیکی وحشی در برنامه‌های به‌نژادی رقم خواهند بود.

همبستگی‌های مفیدی بین صفات خشک میوه و مغز و همچنین صفات مورفولوژیک دانه‌های مطالعه شده وجود داشت که می‌تواند به‌عنوان انتخاب غیرمستقیم برای برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد. همبستگی‌های جالبی نیز بین پارامترهای محیطی

زیستگاه‌های طبیعی گیاهان و صفات گیاهی مشاهده شد که می‌تواند برای شناسایی مناسب‌ترین ژنوتیپ‌ها برای کشت در یک منطقه خاص و همچنین مناسب‌ترین مناطق برای تولید گونه‌های بادام مطالعه شده، مورد استفاده قرار گیرد.

به‌طور کلی پایه‌های بررسی شده و به‌ویژه دوره‌های بین‌گونه‌ای سازگاری پیوندی خوبی با هر دو پیوندک آلو و بادام داشتند و به دلیل داشتن تنوع صفات رشدی و فیزیولوژیک و همچنین قابلیت متفاوت جذب عناصر غذایی می‌توانند به‌عنوان پایه‌های بذری بالقوه برای شرایط اقلیمی و خاکی مختلف مدنظر قرار گیرند. البته درصد بالای تلفات انتقال مهم‌ترین مانع در این مسیر است که با کشت بذری پیوند درمحل باغ و تولید گلدانی نهال می‌توان بر این مشکل غلبه کرد (ملک حسینی و همکاران، ۱۴۰۰). تکثیر رویشی ژنوتیپ‌هی امید بخش از طریق روش‌های متداول و کشت بافت در آینده می‌تواند منجر به معرفی پایه‌های رویشی ارزشمند برای صنعت تولید بادام و میوه‌های هسته‌دار شود.

منابع

۱. امیددی فرد، ز. و قرقانی، ع. ۱۳۹۸. بررسی میزان مقاومت به سرمای شکوفه در بین ژنوتیپ‌های دو گونه وحشی بادام. یازدهمین کنگره علوم باغبانی ایران، ارومیه، ایران.
۲. امیددی فرد، ز.، قرقانی، ع. و عشقی، س. ۱۳۹۸. تعیین نیاز سرمایی و گرمایی دو گونه وحشی بادام ایرانی. یازدهمین کنگره علوم باغبانی ایران، ارومیه، ایران.
۳. رحیمی دین، س. ۱۳۹۸. گوناگونی ژنتیکی مورفولوژیک و مولکولی و مقاومت به خشکی برخی جمعیت‌های بادام کوهی (*Prunus scoparia* (Spach) C. K. Schneid) منطقه زاگرس جنوبی ایران در مقایسه با سایر گونه‌های بادام. رساله دکتری دانشگاه شیراز.
۴. ملک حسینی، ن.، قرقانی، ع. و عشقی، س. ۱۴۰۰. بررسی سازگاری پیوند بادام و آلو روی برخی گونه‌های وحشی و دوره‌های بین‌گونه‌ای بادام. مجله علوم و فنون باغبانی ایران، ۲۱ (۴): ۴۲۸-۴۱۵.
۵. Ansari, A., Gharaghani, A. 2019. A comparative study of genetic diversity and interrelationship of tree, nut and kernel attributes between *Prunus scoparia* Spach. and *P. elaeagnifolia* Spach. using multivariate statistical analysis. International journal of horticultural science and technology, 6(1): 137-150.
۶. FAO STAT. 2017. <http://www.faostat.fao.org>.
۷. Gharaghani, A., Solhjoo, S., Oraguzie, N. 2017. A review of genetic resources of almond and stone fruits in Iran. Genetic Resources and Crop Evolution, 64: 611-640.
۸. Ghareghani, A., Eshghi, S. 2015. *Prunus scoparia*, a potentially multi-purpose wild almond species in Iran. Acta Horticulturae, 1074: 67-72.
۹. Martínez-Gómez, P., Sánchez-Pérez, R., Dicenta, F., Howad, W., Arus, P. and Gradziel, T.M. 2007. Almonds. p.229-242. In: C.R. Kole (ed.), Genome Mapping and Molecular Breeding. Vol. 4. Fruits & Nuts. Springer. Heidelberg, Berlin, New York, Tokio.
۱۰. Rahemi, A., Fatahi, R., Ebadi, A. et al. 2012. Genetic diversity of some wild almonds and related *Prunus* species revealed by SSR and EST-SSR molecular markers. Plant Syst. Evol., 298: 173-192.
۱۱. Rahimi Devin, S., Gharaghani, A., Eshghi, S. 2021. Diversity and inter-relationships of seed size, seedling morphology and habitat climate in some populations of *Prunus scoparia* and three other *Prunus* spp. species from southern Zagros of Iran. Journal of Nuts, 12(2): 113-136.
۱۲. Rahimi Devin, S., Gharaghani, A., Poorkhaluae, A. 2020. Genetic diversity, population structure, and relationships among wild and domesticated almond (*Prunus* spp.) germplasm revealed by ISSR markers. Advances in Horticultural Science, 34(3): 287300.
۱۳. Rahimi Devin, S., Gharaghani, A., Avanzato, D., Eshghi, S., Ansari, A. 2017. Diversity of nut and kernel characteristics in seven populations of *Prunus scoparia* from central and southern Zagros regions of Iran in comparison to three other almond species, Fruits 72 (6): 372-383.



A Report of Comprehensive Research Project on Collection, Evaluation and Utilization of Wild Almond Species' Genetic Resources at Shiraz University

Ali Gharaghani^{1,2*}

¹Department of Horticultural Science, School of Agriculture, Shiraz University, Shiraz Iran.

²Drought research Centre, School of Agriculture, Shiraz University, Shiraz Iran.

*Corresponding author: agharaghani@shirazu.ac.ir

Abstract

Iran is a center of diversity and also a main producer of almond in the world. Wild almond genetic resources in Iran have valuable characteristics which can be utilized in breeding programs. A comprehensive research project is ongoing in Shiraz University aiming to collect, evaluate and utilize wild almond genetic resources. In this article some of the main findings of this project will be discussed. According to the results there is a huge diversity in nut, kernel and seedling characteristics among the studied almond species, in particular among *P. scoparia* populations. Based on genetic relationships analysis, populations of wild and cultivated almond were placed in two different clusters. Within the main cluster of wild almonds the accessions were grouped according to species and geographical proximity. The studied almond species responded differently to water stress and recovery with *P. scoparia* being significantly superior to other species. Heritability of nut and kernel size as well as the percentage of fruit set was very high in both of *P. scoparia* and *P. eleagnifolia*, and fruit set was the most influential factor in tree yield. Wild species, in particular their natural hybrids, were graft compatible with both of almond and plum as scion, and performed variously in growth, physiological trait as well as in nutrient uptake. Chilling and heat requirements of studied genotypes of *P. scoparia* and *P. eleagnifolia* varied between 313-682 CU and 2737-9149 GDH, respectively. The highest (-5.3 °C) and lowest (-3.8 °C) bloom frost resistance was recorded in early blooming *P. eleagnifolia* and late blooming *P. scoparia* genotypes, respectively.

Key words: Genetic resources, wild almond, heritability, chilling requirement, budding