بررسی گوناگونی فنوتیپی در برخی از نژادگان‌های بذری بادام منطقه علمدار شهرستان ملایر استان همدان

موسی رسولی*[۱]، مریم عباسی[۲]
[۱]نویسنده مسئول: دانشیار گروه مهندسی علوم باغبانی و فضای سبز، دانشکده کشاورزی دانشگاه ملایر، ایران
[۲]کارشناس ارشد موسسه آموزش عالی مهرگان محلات، مرکزی، محلات، ایران
*نویسنده مسئول: mousarasouli@gmail.com

چکیده

از مهم‌ترین اهداف برنامه‌های اصلاحی بادام انتخاب ارقام و ژنوتیپ‌های خودسازگار، دیرگل با وزن مغز مناسب می‌باشد. در این آزمایش تنوع ژنتیکی ۱۰۰ ژنوتیپ بذری بادام با استفاده از ویژگی‌های مورفولوژیکی براساس توصیف‌گر بین المللی بادام جهت انتخاب ژنوتیپ‌های برتر بادام مورد بررسی قرار گرفت. تجزیه آماری شامل آمار توصیفی، همبستگی ساده بین صفات، تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه ای بر اساس ۵۴ ویژگی مورفولوژیکی انجام شد. نتایج آزمایش نشان داد که صفاتی مانند آنتوسیانین در شاخه های یکساله، میزان آنتوسیانین در میله پرچم، شکل جوانه گل و نرمی و سختی پوسته هسته در بین ژنوتیپ‌ها تنوع زیادی داشته و دارای ضریب تغییرات بالایی بودند. همچنین بیشترین وزن مغز با ۲/۰۶ گرم در ژنوتیپ شماره MAG30 و کم‌ترین وزن مغز با ۰/۶۷ گرم در ژنوتیپ شماره MAG44 مشاهده شد. همبستگی ساده صفات نشان داد که بین برخی از ویژگی‌های اندازه‌گیری شده مانند قدرت رشدی با تراکم شاخه و برگ درخت (r=۰/۷۲)، ضخامت شاخه یکساله (r=۰/۵۲) و اندازه میوه سبز (r=۰/۵۴)، تراکم شاخه و برگ و طول پهنک برگ (r=۰/۵۷)، همبستگی مثبت معنی دار در سطح ۵ درصد وجود داشت. نتایج تجزیه به عامل‌ها مشخص کرد که عوامل اصلی مجموعا ۷۲/۴۱ درصد واریانس کل را توجیه نمودند. صفاتی مانند میزان آنتوسیانین در شاخه‌های یکساله، طول پهنک برگ، عرض پهنک برگ، طول دمبرگ، رنگ آنتوسیانین در میله پرچم، قدرت رشدی، نرمی و سختی پوسته هسته، درصد روغن مغز، میزان پروتئین برگ و وزن مغز در عامل‌های اول (PC1) تا ششم (PC6) قرار گرفتند که مجموعا ۳۲/۷۲ درصد از سهم واریانس را شامل شدند. بر اساس تجزیه خوشه‌ای با کاهش فاصله اقلیدسی از ۲۵ به ۵، ژنوتیپ‌ها به ۶ گروه اصلی تقسیم شدند که از عوامل مهم تفکیک صفاتی مانند زمان گلدهی، قدرت رشدی درخت، اندازه میوه سبز، نرمی و سختی پوسته هسته، ضخامت پوسته هسته، درصد مغزهای دو قلو، وزن مغز، درصد مغز، درصد روغن مغز و درصد پروتئین برگ بودند.

واژه‌های کلیدی: بادام، نشانگرهای مورفولوژیکی، خودناسازگاری، خشک میوه، مغز.

مقدمه

بادام با نام علمی (*Prunus dulcis* L.) یکی از قدیمی‌ترین درختان میوه خشک‌باری است که در نقاط مختلف ایران پراکنده است که به دلیل سهولت در برداشت، نگهداری و حمل و نقل آسان، سازگاری در خاک‌های آهکی و نیمه خشک و ارزش غذایی بالا از اهمیت زیادی برخوردار است (ایمانی، ۱۳۸۸، رسولی و همکاران، ۱۳۹۱، Rasouli and Imani, 2016). در ارتباط با تنوع مورفولوژیکی ارقام مختلف بادام در ایران و جهان مطالعات زیادی انجام شده است که حاکی از وجود تنوع مورفولوژیکی و ژنتیکی مناسب بوده است. مطالعه تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی برای شناسایی ژنوتیپ‌های مشابه به منظور حفظ، ارزیابی و استفاده از ذخایر ژنتیکی، مطالعه تنوع ژرم پلاسم وحشی، بومی یا اصلاح شده قبل از شروع برنامه‌های اصلاحی و همچنین شناسایی و تفکیک ژنوتیپ‌ها از همدیگر به منظور رعایت حقوق معنوی اصلاح گران بسیار اهمیت دارد (De Giorgio et al., 2001). درخت بادام از نظر اندازه، شکل، تنومندی، الگوی شاخه‌دهی، رشد و عادت باردهی متغیر بوده و این الگو بر حسب ارقام خاص نیز ممکن است متفاوت باشد. این نوع صفات پدیده باردهی، نیازهای

هرس، تربیت و سازگاری به عملیات برداشت را تحت تاثیر قرار می‌دهد (ایمانی، ۱۳۸۸، رسولی و همکاران، ۱۳۹۱). هدف از انجام این آزمایش بررسی ۱۰۰ ژنوتیپ بذری از لحاظ خصوصیات مورفولوژیکی و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در جهت استفاده در برنامه اصلاحی بادام بود.

مواد و روش‌ها

محل انجام آزمایش و مواد گیاهی

این آزمایش که در سال‌های ۹۸ – ۱۳۹۶در باغات بادام منطقه علمدار شهرستان ملایر واقع در استان همدان صورت گرفت. منطقه مورد مطالعه در فاصله۲۰ کیلومتری ملایر واقع در در جاده ملایر – اراک با موقعیت طول جغرافیایی"۲۶'۸۲°۴۸ و عرض جغرافیایی"۷۹'۱۶°۳۴ ، ارتفاع از سطح دریا ۱۷۲۵ متر و متوسط بارندگی ۳۰۰ میلی‌متر در سال می‌باشد. در این مطالعه تنوع ژنتیکی ۱۰۰ ژنوتیپ بادام با استفاده از ۵۴ خصوصیت مورفولوژیکی درخت، میوه و مغز مورد ارزیابی قرار گرفت. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از شماره ۱ تا ۱۰۰شماره‌گذاری و کدگذاری شدند (۱ MAG =ژنوتیپ علمدار ملایر شماره ۱ تا ۱۰۰) اندازه گیری صفات کمی و کیفی برای صفات مختلف به روش‌های متفاوت و مناسب هر یک انجام شد. کددهی برخی صفات براساس توصیف نامه بادام (Gulcan, 1985) انجام شد.

محاسبات آماری داده ها

آمار توصیفی، همبستگی ساده بین صفات، تجزیه کلاستر و تجزیه عامل‌ها با استفاده از نرم افزار SPSS (Version21.0) انجام گردید. جهت محاسبه ضریب تغییرات[۲۰] از تقسیم انحراف معیار هر صفت بر میانگین آن صفت استفاده کردید. با استفاده از تکنیک چرخش عامل‌ها[۲۱] و روش حداکثر واریانس[۲۲] ، تفکیک عامل‌ها انجام شد. در هر عامل اصلی و مستقل ضرایب عاملی۰/۴ به بالا معنی دار در نظر گرفته شدند. تجزیه کلاستر و گروه بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از روش وارد[۲۳] و یا حداقل واریانس و بر مبنای مربع فاصله اقلیدسی[۲۴] و محاسبه فواصل بعد از استاندارد کردن داده‌ها انجام گرفت (رسولی و همکاران، ۱۳۹۱).

نتایج و بحث

آمار توصیفی صفات

بر اساس نتایج بدست آمده صفاتی مانند میزان آنتوسیانین در شاخه‌های یکساله، رنگیزه آنتوسیانین در میله پرچم، شکل جوانه گل و نرمی و سختی پوسته هسته در بین ارقام و ژنوتیپ‌ها تنوع بالایی را نشان دادند و دارای ضریب تغییرات بالایی بودند. بیشترین وزن مغز با ۲/۰۶ گرم در ژنوتیپ شماره ۳۰(***MAG30***) و کم‌ترین وزن مغز با ۰/۶۷ گرم در ژنوتیپ شماره ۴۴(***MAG44***) مشاهد شد. میانگین وزن مغز با ۱/۲۶ گرم در بین تمام ژنوتیپ‌های مورد بررسی بدست آمد. همچنین بیش‌ترین درصد روغن مغز با ۳۹/۹۱ درصد در ژنوتیپ شماره ۳۰(***MAG30***) و کم‌ترین درصد روغن مغز با ۴/۷۰ درصد در ژنوتیپ شماره ۴۰(***MAG40***) به دست آمد. میانگین درصد روغن مغز با ۱۸/۰۸ درصد در بین تمام ژنوتیپ‌های مورد بررسی حاصل شد. با توجه به وجود تنوع در صفات مورد بررسی امکان انتخاب برای مقادیر مختلف یک صفت وجود دارد. همچنین جهت تجزیه و بررسی آماری دقیق تر می توان از صفات دارای تنوع بالا به منظور ارزیابی ارقام و ژنوتیپ‌ها استفاده نمود.

[1]-Coefficient of Variation
[21]- Factor rotation
[22]- Varimax
[23]-Ward Method
[24]-Squared Euclidean distance

ضرایب همبستگی ساده صفات

نتایج همبستگی بین صفات اندازه‌گیری شده در این پژوهش ارائه شده و از طرفی میزان همبستگی صفاتی که مقادیر نسبتا بالایی را نشان دادند در متن منعکس شده است. همبستگی مثبت معنی‌دار در سطح ۱ درصد بین قدرت رشدی درخت و تراکم شاخه و برگ درخت مشاهد گردید. همچنین بین قدرت رشدی درخت و ضخامت شاخه یکساله، قدرت رشدی درخت و اندازه میوه سبز، تراکم شاخه و برگ و طول پهنک برگ، همبستگی مثبت معنی‌دار در سطح ۵ درصد مشاهده گردید. بر اساس نتایج همبستگی ساده صفات اگر چه بین قدرت رشدی درخت و طول پهنک برگ، تراکم شاخه و برگ و ضخامت شاخه یکساله، رنگیزه آنتوسیانین در میله پرچم و ضخامت شاخه یکساله، درصد میوه دوقلو و میزان رنگیزه آنتوسیانین در شاخه یکساله، زمان رسیدن میوه و میزان رنگیزه آنتوسیانین در شاخه یکساله میزان رنگیزه آنتوسیانین در شاخه یکساله، رنگ اصلی مغز و پوشش کرک شاخه یکساله، اندازه میوه سبز و تراکم شاخه وبرگ درخت، همبستگی مثبت معنی دار در سطح ۵ درصد وجود داشت، اما مقادیر این همبستگی کمتر از ۵۰ درصد بود. با این حال همبستگی منفی معنی‌داری بین رنگ نوک گلبرگ و قدرت رشدی درخت، تعداد مادگی و قدرت رشدی، میزان پروتیین برگ و نسبت طول به عرض پهنک برگ، سفتی مغز میوه و محل قرار گرفتن جوانه گل روی درخت در سطح ۱ درصد وجود داشت اما مقادیر همبستگی‌های ذکر شده منفی بود. نتایج مطالعه و همبستگی بین صفات در این آزمایش با تحقیقات رسولی و همکاران (۱۳۹۱) همسو بود.

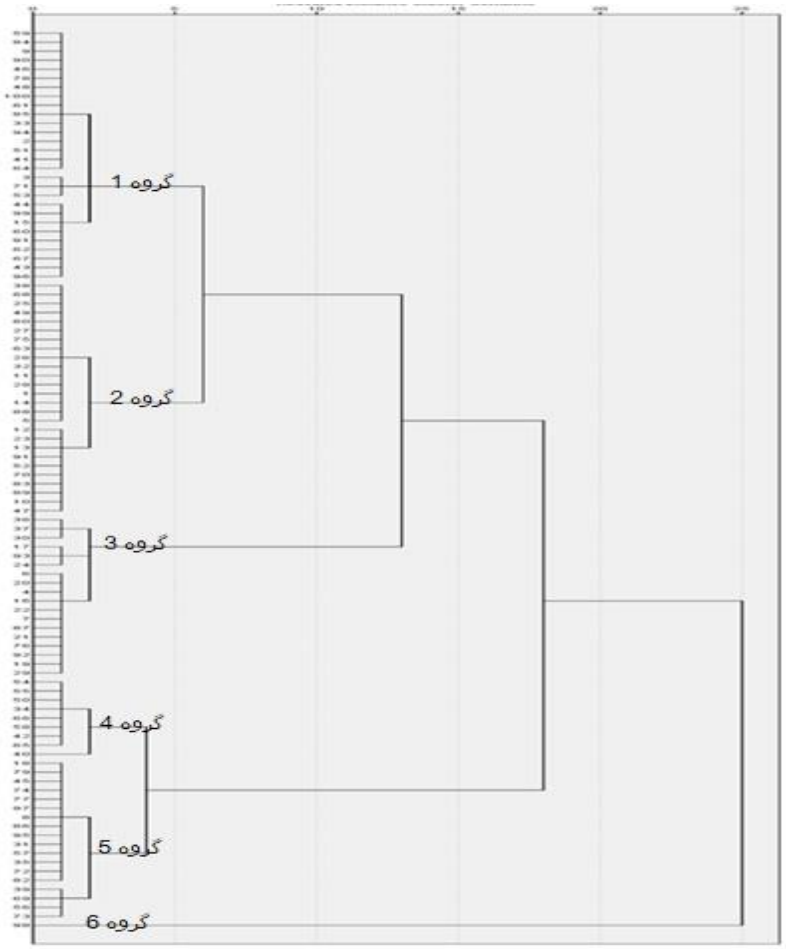
تجزیه به عامل‌ها

در تجزیه عامل‌ها، عوامل اصلی و مستقل که مقادیر ویژه بیشتر از سایر عامل‌ها بودند، توانستند مجموعا ۷۲/۴۱ درصد واریانس کل را توجیه نمایندبا این حال صفاتی مانند میزان آنتوسیانین در شاخه یک‌ساله، طول پهنک برگ، عرض پهنک برگ، طول دمبرگ، رنگ آنتوسیانین در میله پرچم، قدرت رشدی، نرمی و سختی پوسته هسته، درصد روغن مغز، میزان پروتیئن برگ و وزن مغز در عامل‌های اول (PC۱) تا ششم (PC۶) قرار گرفتند که مجموعا ۳۲/۷۲ درصد از سهم واریانس را شامل شدند. نتایج رسولی و همکاران (۱۳۹۱) در بررسی تنوع فنوتیپی ۷۲ رقم و ژنوتیپ بادام با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی در تجریه به عامل‌ها نشان داد که تجزیه به عامل‌ها صفات مورد ارزیابی را به ۱۱ عامل اصلی کاهش داد که در مجموع ۷۵/۰۷ درصد واریانس کل را توجیه نمودند، که با یافته‌های این تحقیق در برخی از موارد همسو می‌باشد.

تجزیه کلاستر

تجزیه کلاستر براساس تمام صفات اندازه‌گیری شده به روش وارد (Ward) صورت گرفت. در فاصله ۱۵ اقلیدوسی ژنوتیپ‌های بذری مورد مطالعه به دو گروه و در فاصله ۱۰ به چهار گروه اصلی تقسیم‌بندی شدند.عوامل مهم تفکیک ژنوتیپ‌ها از یکدیگر در این فواصل صفاتی مثل میزان رنگیزه آنتوسیانین شاخه یک‌ساله، نرمی و سختی پوسته هسته یا خشک میوه، قطر تنه درخت، قدرت رشدی درخت، ضخامت شاخه یک‌ساله، تراکم شاخه و برگ، طول پهنک برگ، اندازه میوه سبز، درصد روغن مغز و وزن مغز بودند. همچنین این صفات در فواصل کمتر اقلیدوسی نیز موثر بودند. و با کاهش فاصله از ۱۰ به ۵ اقلیدوسی ژنوتیپ ها به شش گروه اصلی تقسیم شدند. **گروه اول** که خود شامل سه زیر گروه فرعی می‌شد و در زیر گروه اول ۱۵ژنوتیپ در زیر گروه دوم ۳ ژنوتیپ و همچنین در زیر گروه سوم ۹ ژنوتیپ در کنار هم در این زیر گروه قرار گرفتند. کمترین وزن مغز با ۰/۶۷ گرم در ژنوتیپ شماره ۴۴ (***MAG*۴۴**) در این گروه قرار داشت.**گروه دوم** شامل دو زیر گروه فرعی بود. در زیر گروه اول ۱۶ و در زیر گروه دوم ۱۰ ژنوتیپ بود که در این گروه ژنوتیپ‌ها دارای قدرت رشدی متوسط، تراکم شاخه برگ متوسط، متوسط تا دیر گل، میان رس و طعم مغز شیرین بودند. **گروه سوم** شامل سه زیر گروه فرعی بود. در زیر گروه اول ۳ ژنوتیپ‌های در زیر گروه دوم ۳ ژنوتیپ و در زیر گروه سوم ۱۲ ژنوتیپ قرار گرفت. بیشترین وزن مغز با ۲/۰۶ گرم و همچنین بیشترین درصد روغن مغز با ۳۹/۹۱ درصد در ژنوتیپ شماره ۳۰ (***MAG*۳۰**) که در این گروه می‌باشد، مشاهده گردید. **گروه چهارم** ۹ ژنوتیپ قرار گرفت. کمترین درصد روغن مغز با ۴/۷۰ درصد در ژنوتیپ شماره ۴۰ (***MAG40***) در این گروه قرار داشت.**گروه پنجم** شامل دو زیر گروه فرعی بود. در زیر گروه اول ۱۴ ژنوتیپ و در زیر گروه دوم ۴ ژنوتیپ. بیشتر ژنوتیپ‌های این گروه دارای رشد نسبتا ضعیف تا متوسط، تراکم کم شاخه و برگ و دارای درصد مغز متوسط بودند. **گروه ششم** شامل تنها یک ژنوتیپ شماره ۹۸(MAG98) بود. این ژنوتیپ دارای قطر تنه متوسط (۲۱) سانتیمتر، وزن مغز نسبتا کم (۰/۹۰ گرم) پروتئین

کم برگ (۰/۲۱) درصد و روغن متوسط ۲۳/۸۷ درصد بود. یافته‌های حاصل از این تحقیق با نتایج رسولی و همکاران (۱۳۹۱) که بیان داشتند صفاتی مثل طول خشک میوه، عرض مغز، وزن مغز، رنگ مغز، قطر شاخه سال جاری، عرض پهنک، نسبت طول به عرض پهنک و طول دمبرگ، درصد دوقلویی مغز، طعم مغز، طول شاخه سال جاری، طول پهنک و عرض خشک میوه، قدرت رشدی درخت، سختی پوست چوبی خشک میوه، نسبت طول به عرض خشک میوه، نسبت وزن مغز به وزن خشک میوه و طعم مغز در تفکیک ارقام و ژنوتیپ‌های مورد بررسی در فواصل مختلف اقلیدوسی موثر بودند، در برخی موارد همسو بود. (۲۰۰۱)De Giorgio and Polignano, گزارش کردند که صفات درصد مغز، دوقلویی مغز، ضخامت خشک میوه و مغز، نسبت طول به ضخامت خشک میوه، نسبت طول به عرض خشک میوه، طول به عرض مغز و نسبت عرض به ضخامت مغز از عوامل موثر درگروه بندی ۸۸ رقم بادام مورد مطالعه این محققان در ایتالیا بوده است که همسو با نتایج این تحقیق است.



شکل۱: کلاستر ژنوتیپ های بادام حاصل از بررسی صفات مورفولوژیک با استفاده از فواصل اقلیدسی و روش Ward.

منابع

ایمانی، ع.، (۱۳۸۸). معرفی هیبریدهای امید بخش خود بارور و دیر گل بادام (سخنرانی کلیدی). ششمین کنگره علوم باغبانی ایران.تیرماه.دانشگاه گیلان.

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(۴): ۳۷۰-۳۵۷.

De Giorgio D., and Polignano G.B. 2001. Evaluation the biodiversity of almond cultivars from germplasm collection field in Southern Italy.Sust. glob. Farm, 56: 305-311.

Gülcan, R., 1985. Descriptor list for almond (*Prunus amygdalus*) (revised).

Rasouli, M., and Imani, A. 2016. Effect of supplementary pollination by different pollinizers on fruit set and nut physicochemical traits of Supernova, a self-compatible almond. Fruits, 71, 299-306.

Investigation of phenotypic diversity in some almond genotypes of Alamdar area of Malayer city, Hamadan province

Mousa Rasouli*[1]and Maryam Abbasi[2]
[1*]Associate Professor of Horticulture Science and Landscape Department, Faculty of Agriculture, Malayer University, Malayer, Iran
[2]Master of Mehregan Mahallat Higher Education Institute, Markazi, Mahallat, Iran
[*]*Corresponding Author: Email: mousarasouli@gmail.com*

Abstract

The most important goals of the almond breeding programs are the choice of self-compatible, late late flowering cultivars and genotypes, which are well suited to the nut characteristics of the fruit and the weight of the kernel. In the first experiment, genetic diversity of 100 almond genotypes was evaluated using morphological traits based on the international almond descriptor for selecting almond cultivars and superior genotypes. Statistical analysis including descriptive statistics, simple correlation between traits, factor analysis and cluster analysis based on 54 morphological characteristics was performed. The results of the first experiment showed that the traits such as anthocyanin in annual shoots and the amount of anthocyanins in the filament, the shape of flower buds and the softness and hardness of the nut among the cultivars were different and had a high coefficient of variation. Also, the highest weight of the kernel was observed with 2.6 grams in the genotype MAG30 and the lowest kernel weight with 0.67 grams in the MAG44 genotype. The simple correlation of traits showed that among some of the measured characteristics such as growth ability with density of the branches and leaves (r = 0.72), the thickness of the annual branches shoots (r = 0.52) and green fruit size (r =0.54), density of the branches and leaves with length of the leaf (r = 0.57), positive correlation was significant at 5% level. The results of factor analysis showed that main factors justifying 72.71% of the total variance. Characteristics such as the amount of anthocyanins in annual branches, length and width of leaf blade, length of the petiole, anthocyanin color in filament, tree vigour, softness and hardness of nut, percentage of the kernel oil, amount of leaf protein and kernel weight in the first factors PC1) to sixth (PC6), which included a total of 32.72% of the contribution of variance. Based on cluster analysis, with decrease in the Euclidean distance from 25 to 5, the genotypes were divided into six main sub-clusters and traits such as flowering time, tree vigour, green fruit size, shell thickness and hardness, percentage of the double kernel, kernel weight, percentage of the kernel, percentage of the kernel oil and amount of leaf protein were important factor in separation of main clusters.

Keywords: Almond, Kernel, Morphological markers, Nut, Self-incompatibility.