

## بررسی تنوع صفات مورفولوژیکی میوه ژنوتیپ‌های گیاه خیار تلخ (*Momordica charantia*)

فخرالدین لورگی پور<sup>۱</sup>، عبدالعلی شجاعیان<sup>۲\*</sup>

<sup>۱</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

<sup>۲</sup> استادیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

\*نویسنده مسئول: shojaeiyan@modares.ac.ir

### چکیده

خیار تلخ (*Momordica charantia* L.) یا کارلا گیاهی دولپه، یک‌ساله و بالارونده متعلق به خانواده کدویان است. تعداد کروموزوم‌های آن  $2n=2x=22$  بوده و میوه‌های سبز زگیل مانند و یا چروکیده‌ای که شبیه کدو یا خیارچنبر هستند را تولید می‌کند. با توجه به اینکه ارزیابی تنوع ژنتیکی قبل از شروع کارهای اصلاحی یا مطالعات ژنتیک امری ضروری می‌باشد. در همین راستا به منظور بررسی تنوع مورفولوژیکی ارقام گیاه خیار تلخ کشت شده در شرایط آب و هوایی تهران، آزمایشی در سال زراعی ۱۳۹۹ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس در قالب طرح میکروپلات با چهار تکرار اجرا شد. بذور ۱۰ ژنوتیپ مختلف گیاه خیار تلخ از بانک ژن و برخی مناطق شرق آسیا تهیه شد نتایج نشان داد تمامی صفات مورفولوژی میوه (به جز اسیدیته کل) به‌طور معنی‌داری تحت تأثیر ژنوتیپ قرار گرفتند. مقایسه میانگین‌ها نشان داد ژنوتیپ ON3 دارای بیشترین طول میوه (۲۳۳/۲ میلی‌متر) و ژنوتیپ OS بیشترین وزن میوه (۱۱۲/۵۷ گرم) بود. همچنین میوه توده‌های KN و ON3 دارای بیشترین سفتی بافت و ژنوتیپ OS دارای کمترین سفتی بودند. نتایج برآوردهای ژنتیکی صفات نشان داد طول میوه و طول دم میوه به ترتیب بیشترین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی را داشتند، دارای بیشترین تنوع نسبت به سایر صفات بودند. طول دم میوه با ۹۶ درصد بیشترین اسیدیته کل با ۵۴ درصد کمترین وراثت‌پذیری را داشتند.

**واژه‌های کلیدی:** تنوع مورفولوژیکی، خیار تلخ، ضریب تغییرات ژنتیکی، ضریب تغییرات فنوتیپی، وراثت‌پذیری

### مقدمه

خیار تلخ (*Momordica charantia* L.) گیاهی دولپه، بالا رونده، یک‌ساله، با برگ‌های کوچک و از سبزیجات متعلق به خانواده کدویان است. تعداد کروموزوم‌های آن  $2n=2x=22$  است. منشا آن مناطق استوایی آسیا می‌باشد. خیار تلخ به عنوان خیار آفریقایی، کدوی تلخ، خربزه تلخ، گلابی بالزام و یا کارلا در مناطق مختلف جهان شناخته شده است (Basch et al., 2003). در همین راستا به منظور بررسی تنوع مورفولوژیکی میوه ارقام گیاه خیار تلخ کشت شده در شرایط آب و هوایی تهران، آزمایشی در سال زراعی ۱۳۹۹ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس در قالب طرح میکروپلات با چهار تکرار اجرا شد. بذور ۱۰ ژنوتیپ مختلف گیاه خیار تلخ از بانک ژن و برخی مناطق شرق آسیا تهیه شد. در مطالعه‌ای ۲۵ ژنوتیپ متنوع خیار تلخ از مناطق مختلف هند جمع‌آوری و بر اساس ده صفت کمی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند طیف گسترده‌ای از تنوع برای همه شاخصه‌ها مشاهده شد که نشان‌دهنده تنوع بالا بود و ژنوتیپ‌ها از نظر تنوع غنی بودند (Singh et al., 2014). در این مقاله صفات مورفولوژی شامل صفات کمی و کیفی میوه این گیاه با هدف ارزیابی و بررسی تنوع صفات مورفولوژی انجام گردید.

### مواد و روش‌ها

در این پژوهش، ابتدا بذور ۱۰ رقم گیاه خیار تلخ از بانک ژن و برخی از مناطق شرق آسیا تهیه گردید.

پس از کاشت گیاه در مزرعه، ۹ صفت مورفولوژیک میوه اندازه‌گیری شد. صفات کمی شامل طول میوه، قطر میوه، میزان سفتی پوست میوه، وزن میوه، طول دم میوه بودند. وزن خشک میوه، میزان اسیدیته و مواد جامد قابل حل طبق روش AOAC اندازه‌گیری شد.

جدول ۱- جمع‌آوری ژنوتیپها و توده‌های گیاه خیار تلخ در این پژوهش.

نام	نوع	مخفف	منشاء جغرافیایی
Pakan seed	ژنوتیپ	PS	آمریکا
Kashan	توده	KN	ایران (کاشان)
Bitter gourd f <sub>1</sub> hybrid by Kraft seed	ژنوتیپ	KS	هند
Bankok orange	ژنوتیپ	BO	تایلند
Hongkong karela	ژنوتیپ	HK	هنگ کنگ
Bankok white	ژنوتیپ	BW	تایلند
Hybrid bitter gourd by ol seed	ژنوتیپ	OS	هند
Hybrid bitter gourd by Super agree green	ژنوتیپ	AG	هند
Oder number 404-4841900-9975523	توده	ON3	هند
Oder number 404-6647498-3826725	توده	ON5	هند

## نتایج و بحث

صفات مورفولوژی میوه از جمله طول میوه، قطر میوه، طول دم میوه و وزن میوه به‌طور معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد و درصد وزن خشک میوه در سطح احتمال پنج درصد تحت تأثیر ژنوتیپ‌های مختلف قرار گرفتند (جدول ۲).

جدول ۲- تجزیه واریانس تغییرات مورفولوژی میوه ژنوتیپ‌های مختلف خیار تلخ.

منبع تغییرات	درجه آزادی	طول میوه	قطر میوه	طول دم میوه	وزن میوه	درصد وزن خشک میوه
ژنوتیپ	۹	۱۳۲۱۰/۱۷**	۳۳۰/۶۲**	۲۳۹۷/۱۷**	۲۳۴۶/۳۰**	۲/۰۷*
خطای آزمایشی	۲۴	۵۱۸/۵۲	۵۰/۱۶	۲۵۴/۴۴	۱۴۰/۳۴	۰/۶۱
خطای نمونه برداری	۲۶	۳۵۳/۸۵	۴۰/۳۵	۸۱/۳۴	۳۷۵/۶۱	۰/۶۸
ضریب تغییرات (%)		۱۷/۵۶	۱۵/۵۰	۱۸/۱۸	۲۹/۶۳	۱۱/۴۱

ns, \*\* و \*\*\* به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

نتایج مقایسه میانگین تیمارها نشان داد توده ON3 بلندترین طول میوه (۲۳۳/۲۲ میلی‌متر) را نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها به خود اختصاص داد و کمترین طول میوه نیز در توده KN با ۵۰/۶۶ میلی‌متر مشاهده شد. همچنین نتایج مقایسه میانگین‌ها نشان می‌دهد ژنوتیپ‌های KS، HK، ON5 و OS دارای بیشترین قطر میوه و ژنوتیپ‌های BO و AG دارای کمترین قطر میوه بودند (جدول ۳). بیشترین طول دم میوه نیز در ژنوتیپ‌های KS و ON5 مشاهده شد که دارای اختلاف معنی‌داری با ژنوتیپ‌های KN، BO، HK و OS بودند. کمترین طول دم میوه (۱۵/۲۴ میلی‌متر) نیز مربوط به ژنوتیپ KN بود (جدول ۳). براساس نتایج مقایسه میانگین

تیمارها، ژنوتیپ OS دارای بیشترین وزن میوه با ۱۱۲/۵۷ گرم بود که اختلاف معنی‌داری فقط با ژنوتیپ ON5 نشان نداد. کمترین وزن میوه نیز به ژنوتیپ‌های AG و BO اختصاص داشت که اختلاف معنی‌داری با ژنوتیپ KN نداشتند (جدول ۳). طبق نتایج مقایسه میانگین تیمارها، بیشترین وزن خشک میوه (۸/۴۶ درصد) اختصاص به ژنوتیپ BW داشت که دارای تفاوت معنی‌داری با ژنوتیپ‌های KN، KS، HK، ON5 و OS بود. کمترین وزن خشک میوه نیز اختصاص به ژنوتیپ OS با ۵/۹۸ درصد داشت (جدول ۳).

### کیفیت میوه

با توجه به نتایج جدول تجزیه واریانس داده‌ها صفات کیفی میوه از جمله سفتی میوه، pH میوه و مواد جامد محلول کل (TSS) به‌طور معنی‌داری تحت تأثیر ژنوتیپ‌های مختلف قرار گرفتند اما مقدار اسیدیته کل میوه تفاوت معنی‌داری در ژنوتیپ‌های مختلف نشان نداد (جدول ۴).

جدول ۳- مقایسه میانگین تغییرات مورفولوژی میوه ژنوتیپ‌های مختلف خیار تلخ.

ژنوتیپ	طول میوه (میلی‌متر)	قطر میوه (میلی‌متر)	طول دم میوه (میلی‌متر)	وزن میوه (گرم)	درصد وزن خشک میوه
Pakan seed	۱۱۰/۳۳ e-d	۴۵/۲۰ ab	۵۲/۹۱ ab	۶۴/۴۰ de	۷/۶۴ ab
Kashan	۵۰/۶۶ h	۳۲/۱۹ c	۱۵/۲۴ c	۵۰/۷۵ ef	۶/۸۵ bc
Kraft seed	۱۵۹/۵۷ b	۴۸/۲۵ a	۷۴/۰۹ a	۶۴/۴۰ de	۶/۸۸ bc
Bankok orange	۶۸/۰۰ gh	۳۳/۰۷ c	۴۴/۵۱ b	۵۸/۰۵ de	۷/۶۸ ab
HK	۹۶/۹۸ e-g	۴۶/۵۲ a	۴۶/۰۸ b	۷۰/۳۷ cd	۶/۸۴ bc
Oder number 5	۱۵۴/۶۸ bc	۴۸/۹۹ a	۷۴/۸۸ a	۱۰۱/۴۸ ab	۷/۳۳ b
Banckok white	۷۹/۱۷ f-h	۳۵/۴۶ bc	۵۳/۲۶ ab	۳۹/۹۵ f	۸/۴۶ a
OI seed	۱۲۵/۲۱ c-e	۵۰/۶۴ a	۴۶/۸۶ b	۱۱۲/۵۷ a	۵/۹۸ c
Agree green	۱۳۶/۴۰ b-d	۳۲/۵۶ c	۶۰/۴۵ ab	۳۹/۲۰ f	۷/۸۲ ab
Oder number 3	۲۳۳/۲۲ a	۳۶/۱۱ bc	۶۵/۳۰ ab	۸۶/۵۵ bc	۷/۴۴ ab

میانگین‌هایی دارای حروف مشترک در هر ستون، بیانگر عدم اختلاف معنی‌دار براساس آزمون LSD در سطح پنج درصد می‌باشند.

جدول ۴- تجزیه واریانس تغییرات صفات مربوط به کیفیت میوه تحت ژنوتیپ‌های مختلف خیار تلخ.

منبع تغییرات	درجه آزادی	سفتی میوه	pH میوه	اسیدیته کل	مواد جامد محلول کل
ژنوتیپ	۹	۸/۲۷**	۰/۲۱**	۰/۱۱ <sup>ns</sup>	۱/۷۵**
خطای آزمایشی	۲۴	۰/۷۵	۰/۰۳	۰/۰۵	۰/۲۰
خطای نمونه برداری	۲۶	۰/۳۸	۰/۰۵	۰/۰۵	۰/۰۹
ضریب تغییرات (%)		۱۳/۸۰	۳/۹۰	۱۹/۴۰	۱۱/۱۶

<sup>ns</sup> و <sup>\*\*</sup> به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد.

نتایج مقایسه میانگین تیمارها نشان داد که میوه ژنوتیپ‌های KN و ON3 دارای بیشترین سفتی بافت بودند به‌طوری‌که تفاوت معنی‌داری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها نشان دادند. کمترین سفتی بافت میوه نیز اختصاص به ژنوتیپ OS داشت که فقط تفاوت معنی‌داری با ژنوتیپ BO نداشت و با دیگر ژنوتیپ‌ها این اختلاف معنی‌دار بود. براساس نتایج مقایسه میانگین تیمارها، بیشترین pH میوه اختصاص به ژنوتیپ‌های BO و OS داشت که دارای اختلاف معنی‌داری با ژنوتیپ‌های PS، KN و KS بودند. کمترین pH

میوه نیز در ژنوتیپ PS مشاهده شد. طبق نتایج مقایسه میانگین تیمارها، بیشترین مقدار ماده جامد محلول کل مربوط به ژنوتیپ‌های KN و HK بود که فقط تفاوت معنی‌داری با ژنوتیپ BW نداشت و با دیگر ژنوتیپ‌ها این اختلاف معنی‌دار بود. کمترین ماده جامد محلول کل میوه نیز اختصاص به ژنوتیپ BO داشت.

### برآورد پارامترهای ژنتیکی و وراثت‌پذیری

بررسی ضرایب تغییرات فنوتیپی (PCV) صفات نشان می‌دهد طول میوه (۴۷ درصد) و طول دم میوه (۴۵ درصد) بالاترین ضریب تغییرات فنوتیپی را دارا می‌باشند. بنابراین می‌توان از این صفات در به نژادی استفاده نمود و گزینش‌های مؤثری در بین ارقام مورد مطالعه جهت بهبود و اصلاح این صفات انجام داد. کمترین ضریب تغییرات فنوتیپی (کمتر از ۱۰ درصد) به ترتیب مربوط به pH میوه و درصد وزن خشک میوه بود و اصلاح این صفات نسبت به صفات دیگر در جمعیت مورد مطالعه با موفقیت کمتری همراه خواهد بود. ضریب تنوع ژنتیکی (GCV) برای صفات مورد بررسی از جمله طول میوه (۴۶ درصد) و طول دم میوه (۴۳ درصد) بود (جدول ۵) که نشان دهنده بالا بودن بازده انتخاب برای این صفات و تشخیص بهتر ژنوتیپ‌های مطلوب و نامطلوب از یکدیگر است (NarouiRad et al., 2010). کمترین ضریب تنوع ژنتیکی (زیر ۱۰ درصد) نیز به ترتیب pH میوه، درصد وزن خشک میوه مشاهده شد که نشان دهنده تأثیر عوامل محیطی بر روی این صفات است. با توجه به نتایج این بررسی مقادیر ضریب تنوع فنوتیپی و ضریب تنوع ژنتیکی برای بیشتر صفات تقریباً به هم نزدیک بودند، این مطلب نشان می‌دهد که تنوع بین ارقام بیشتر ناشی از اثرات ژنتیکی می‌باشد. هرچه اختلاف بین ضریب تنوع فنوتیپی و ضریب تنوع ژنتیکی در مورد صفتی بیشتر باشد تأثیر محیط بر روی آن صفات بیشتر است. ضریب تغییرات ژنتیکی با در نظر گرفتن وراثت‌پذیری، تخمین مناسبی از طریق انتخاب فنوتیپی را فراهم می‌سازد. وراثت‌پذیری همراه با پیشرفت ژنتیکی از پارامترهای انتخاب هستند که اگر با یکدیگر بکار برده شوند کارایی بالایی در توسعه ارقام دارند.

جدول ۵- پارامترهای ژنتیکی برای صفات مورفولوژی میوه ۱۰ ژنوتیپ خیار تلخ.

صفات	وراثت‌پذیری عمومی (h)	ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV)	ضریب تغییرات ژنتیکی (GCV)	ضریب تغییرات محیطی (ECV)	پیشرفت ژنتیکی (GA)	بهره ژنتیکی (GG)
طول میوه	۰/۹۶	۴۷/۳۳	۴۶/۴۰	۱۰۶/۷۶	۱۱۳/۷۳	۹۳/۶۷
قطر میوه	۰/۸۴	۲۲/۲۳	۲۰/۴۷	۳۰/۶	۱۵/۸۸	۳۸/۸۴
طول دم میوه	۰/۹۰	۴۵/۸۸	۴۳/۳۷	۱۱۹/۲۱	۴۵/۰۷	۸۴/۴۸
وزن میوه	۰/۹۴	۳۵/۳۵	۳۴/۲۸	۵۱/۰۱	۴۷/۱۱	۶۸/۵۰
درصد وزن خشک میوه	۰/۷۰	۹/۸۶	۸/۲۸	۲/۰۹	۱/۰۴	۱۴/۳۳
سفتی	۰/۹۱	۳۲/۴۴	۳۰/۹۳	۴/۳۳	۲/۷۰	۶۰/۷۷
pH میوه	۰/۸۶	۴/۰۰۶	۳/۷۱	۰/۱۳	۰/۴۰	۷/۰۷
اسیدیتته کل (TA)	۰/۵۴	۱۴/۶۸	۱۰/۸۵	۱/۱۱	۰/۱۸	۱۶/۵۰
ماده جامد محلول کل (TSS)	۰/۸۸	۲۲/۹۹	۲۲/۵۸	۱/۸۱	۱/۲۰	۴۳/۷۷

با توجه به نتایج این بررسی وراثت‌پذیری در بیشتر صفات مورد بررسی همچون طول میوه، وزن میوه، سفتی میوه احتمالاً به دلیل یکنواخت بودن محیط آزمایش، بالای ۹۰ درصد بود (جدول ۵). وراثت‌پذیری بالای صفات نشان می‌دهد که این صفات توسط تعداد کمتری ژن کنترل می‌شوند و صفات با وراثت‌پذیری کم با تعداد بیشتری ژن با اثرات کم کنترل می‌شوند.

## منابع

- Basch, E., Gabardi, S. and Ulbricht, C. 2003. Bitter melon (*Momordica charantia*): a review of efficacy and safety. *American Journal of Health-System Pharmacy*, 60(4): 356-359.
- NarouiRad, M., AllahDo, M., Ghasemi, A. and Fanaei, H. 2010. Investigation of genetic diversity and broad sense heritability in watermelon accessions of Sistan. *Iranian Journal of Horticultural Science*, 40(4).
- Singh, M., Bhardwaj, D., Solankey, S. and Pandey, A. 2014. Morphological analyses define the Genetic Diversity of Indian bitter gourd (*Momordica charantia* L.). *Vegetos*, 27(1): 170-173.

## Evaluation of diversity of fruit morphological traits of genotypes of *Momordica charantia*

Fakhradin Looregipoor<sup>1</sup> and Abdolali Shojaeiyan<sup>\*2</sup>

<sup>1</sup>MSc student, Department of Horticultural of Agricultural, Tarbiat Modares University (TMU), Tehran, Iran

<sup>2</sup>Assistant Professor, Department of Horticultural Science, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University (TMU), Tehran, Iran

\*Corresponding Author: shojaeiyan@modares.ac.ir

### Abstract

Bitter cucumber (*Momordica charantia* L.) or karela dicotyledonous, annual and climbing plant belongs to the squash family. Its number of chromosomes is  $22 \times = 2n = 2$  and it produces green wart-like or wrinkled fruits that look like pumpkin or cucumber. Considering that it is necessary to evaluate genetic diversity before starting breeding or genetic studies. In this regard, in order to study the morphological diversity of cucumber cultivars cultivated in Tehran climate, an experiment was conducted in the research crop year of 1399 in the research farm of Tarbiat Modares University, in the form of a microplat design with four replications. Seeds of 10 different Genotype of cucumber were obtained from Gene Bank and some regions of East Asia. The results showed that all fruit morphological traits (except total acidity) were significantly affected by genotype. Comparison of means showed that ON3 genotype had the highest fruit length (233.2 mm) and OS genotype had the highest fruit weight (112.57 g). Also, fruits of KN and ON3 genotypes had the highest tissue firmness and OS genotype had the lowest firmness. The results of genetic estimation of traits showed that fruit length and fruit tail length had the highest coefficient of phenotypic and genetic changes, respectively, with the highest diversity compared to other traits. Fruit tail length with 96% had the highest and total acidity with 54% had the lowest heritability.

**Keywords:** Bitter Cucumber, Genetic variation coefficient, Heritability, Morphological diversity, Phenotypic variation coefficient