بررسی تنوع ژنتیکی برخی از لاین‌های خیار با استفاده از صفات مورفولوژیکی از طریق تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای

فاطمه مرادی‌پور[۱]، جمالعلی الفتی[۲]*، یوسف حمیداوغلی[۳]، عاطفه صبوری[۴] و بهمن زاهدی[۵]

۱- دانش‌آموخته دکتری علوم باغبانی، پردیس دانشگاهی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

۲-***نویسنده مسئول:** استادیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران (jamalaliolfati@gmail.com)

۳- دانشیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

۴- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

۵- استادیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۰۶/۱۸ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۰۴/۰۹

چکیده

شناسایی و جمع‌آوری ژنوتیپ‌های برتر محصولات باغی اولین گام در برنامه‌های اصلاحی به شمار می‌رود. در کشور ما به دلیل عدم شناخت کافی از ژرم پلاسم گیاهان باغی، برنامه‌های اصلاحی مناسبی روی محصولات باغی خصوصاً خیار انجام نشده است. هدف این تحقیق، گروه‌بندی ژنوتیپ‌های خیار، بر اساس صفات مورفولوژیکی و تعیین فواصل ژنتیکی آن‌ها می‌باشد. به همین منظور، ۲۵ لاین خیار برای ۲۵ صفت مورفولوژیکی با استفاده از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای مورد ارزیابی قرار گرفتند. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی دوازده مؤلفه اول ۸۸ درصد از کل واریانس متغیرها را توجیه نمودند، که سهم هر کدام از دوازده مؤلفه اول به‌ترتیب ۱۷/۹۷، ۱۲/۲۵، ۱۱/۴۵، ۸/۷۴، ۷/۵۲، ۶/۱۲، ۵/۱۳، ۴/۵۳، ۴/۲۹، ۳/۷۷، ۳/۴۴ و ۲/۸۶ درصد بود. در تجزیه خوشه‌ای از روش فاصله اقلیدسی و الگوریتم متوسط فاصله بین گروه‌ها (UPGMA) برای گروه‌بندی کل لاین‌ها استفاده شد. بر اساس نتایج به دست آمده کل لاین‌ها در هفت گروه مجزا جا گرفتند و ضریب کوفنتیکی ۰/۸۴ بود. نتایج حاکی از تنوع ژنتیکی زیاد بین لاین‌های مورد بررسی بود که از این تنوع جهت هتروزیس و انتخاب والدین مناسب در برنامه‌های تلاقی به منظور تولید ارقامی باصفات مطلوب می‌توان استفاده نمود.

کلید واژه‌ها: اصلاح خیار، ضریب کوفنتیک، فاصله اقلیدسی

مقدمه

یکی از اهداف بزرگ دولت در بخش کشاورزی، تأمین و خودکفایی کشور از نظر تولید بذر هیبرید است. خیار یکی از محصولات مهم باغبانی در بخش سبزیکاری است، که به منظور تازه‌خوری و فرآوری کشت می‌شود. کشور ما ایران از لحاظ تولید این محصول جایگاه دوم جهان را داراست. سطح زیرکشت خیار در ایران بر اساس گزارش سازمان خوار و بار جهانی حدود ۷۵ هزار هکتار، تولید آن ۱۸۱۲ هزار تن و متوسط عملکرد آن ۲۴ تن در هکتار می‌باشد (FAO, 2013). علی‌رغم سابقه دیرینه کشت و کار این محصول در ایران و با توجه به سطح زیرکشت وسیع خیار و توان بالقوه تولید این محصول در کشور، تحقیقات به نژادی کمی در رابطه با اصلاح این محصول صورت گرفته است و ما سالانه بذر مورد نیازمان را از کشورهای دیگر تأمین می‌کنیم. بنابراین لازم است که در زمینه اصلاح این گیاه اقدامات عملی و کاربری مفیدی صورت پذیرد. بررسی میزان تنوع ژنتیکی به‌عنوان یکی از گام‌های پایه‌ای و اساسی در نگهداری و حفاظت مواد ژنتیکی و اجرای برنامه‌های به‌نژادی است. بدیهی است که داشتن اطلاعات کامل از

© 2018 The Author(s). Published by Shahid Chamran University of Ahvaz. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

میزان تنوع ژنتیکی، قدم اول در مدیریت مؤثر منابع ژنتیکی و ذخایر توارثی گیاهان می‌باشد و با فهم ساختار ژنتیکی بین گونه‌های مختلف، اصلاحگران قادر به شناسایی و بهره‌برداری بهتر از تنوع در برنامه‌های اصلاحی خواهند بود (Rahai *et al.*, 2003). اولین گام در شناسایی ژنوتیپ‌های مختلف یک گونه، شناسایی خصوصیات مورفولوژیک آن‌ها است. زیرا این ویژگی‌ها به راحتی قابل اندازه‌گیری بوده و کاربرد عملی فراوانی دارند (Razavi, 1998). تنوع مورفولوژیک، حاصل تنوع ژنتیکی یک گیاه در ارتباط با اثرات متقابل ژنتیک و شرایط محیطی است که گیاه در آن رشد می‌کند و این تنوع یک راهنما جهت مطالعه تنوع ژنتیکی است هر چند که به‌طور مطلق نمی‌توان بر این موضوع پافشاری نمود (Sheikh-Ali, 2002). در تحقیقی هشت توده بومی خیار ایران به همراه یک رقم هیبرید به منظور مطالعه تنوع ژنتیکی بین توده‌ها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و از نظر صفات عملکرد تک بوته، تعداد گل‌های بارده، نسبت گل‌های بارده به گل‌های نر در آغاز مرحله میوه‌دهی، تعداد میوه در تک بوته در هر چین و وزن میوه در هر بوته مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج حاکی از وجود تنوع ژنتیکی زیاد بین رقم شاهد و جمعیت توده‌های داخلی بود و بر اساس دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای رقم شاهد در یک گروه و سایر جمعیت‌ها در گروه دیگر قرار گرفتند (Keshavarz *et al.*, 2006).

Ali-Abadi *et al.* (2008) با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی تنوع ژنتیکی بالایی بین سه رقم خیار گلخانه‌ای و سه رقم خیار مزرعه‌ای به دست آمد. آن‌ها ارقام مورد نظر را از نظر صفاتی مانند میزان ماده خشک میوه، درصد خاکستر، میزان پتاسیم، تردی و سفتی بافت میوه مورد ارزیابی قرار دادند. ارقام مورد نظر بر اساس این صفات در سه گروه تقسیم‌بندی شدند.

Golabadi *et al.* (2012) در تحقیقی برای تعیین فاصله ژنتیکی، ۲۰ ژنوتیپ خیار مناسب برای فرآوری با منشاء جغرافیایی متفاوت از نظر صفات مورفولوژیکی متفاوت مانند عملکرد بوته، تعداد میوه در هر بوته، تعداد شاخه فرعی، ارتفاع گیاه، تعداد گره، فاصله میانگره‌ها، طول و پهنای برگ، قطر میوه و طول میوه مورد بررسی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مختلف از نظر صفات مورفولوژیکی وجود دارد. هم‌چنین بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها در چهار گروه دسته‌بندی شدند.

Rajiv-Krishna *et al.* (2011) برای تعیین تنوع ژنتیکی بین ۱۳ ژنوتیپ خیار با منشا جغرافیایی متفاوت ژنوتیپ‌ها را از نظر نوزده صفت مورفولوژیکی مانند عملکردکل، تعداد میوه در بوته، تعداد گل نر در هر گره، تعداد گل ماده در هر گره، زمان ظهور اولین گل ماده و نر، قطر میوه، طول میوه، تعداد شاخه فرعی و طول بوته مورد بررسی قرار دادند. نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر تمام صفات مورفولوژیکی اختلاف معنی‌دار با هم داشتند و بر اساس تجزیه خوشه‌ای کل ژنوتیپ‌ها در شش دسته قرار گرفتند.

Chi Zhang *et al.* (2012) در یک تحقیق نه لاین اینبرد خیار را از نظر ۳۳ صفت کمی و کیفی با استفاده از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه کلاستر مورد بررسی قرار دادند. بر اساس این دو روش لاین‌های مورد نظر در سه گروه دسته‌بندی شدند. لاین‌های مورد بررسی از نظر ژنتیکی اختلاف معنی‌داری با هم نشان دادند.

همان‌گونه که مشخص است بررسی تنوع ماده ژنتیکی برای شروع هر برنامه اصلاحی ضروری است از این رو در این تحقیق، سعی شده با مطالعه ژنوتیپ‌های مختلف خیار، میزان تنوع ژنتیکی آن‌ها از لحاظ صفات کمی و کیفی بررسی گردد تا در وهله اول میزان تشابه و فاصله آن‌ها از نظر ژنتیکی مشخص گردد، سپس در صورت اثبات وجود تنوع ژنتیکی کافی در صفات مورد مطالعه، از نتایج آن در برنامه‌های اصلاحی آینده استفاده گردد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در این مطالعه ۲۵ لاین اینبرد خیار بودند که از مرکز آسیایی تحقیقات و اصلاح سبزیجات در سن‌هوا، تایوان (AVRDA) تهیه و برای تسهیل در نامگذاری لاین‌ها و ارزیابی بهتر به هر کدام از

لاین‌ها یک کد داده شد. بذور لاین‌های مختلف به روش کشت مستقیم در تاریخ ۹۲/۱/۲۰ درمزرعه پژوهشی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان کاشته شدند. به منظور تسریع در جوانه‌زنی بذرها آن‌ها را در دستمال مرطوب در داخل پتریدیش در دمای ۲۵-۲۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۶-۱۲ ساعت در جای گرم و مرطوب قرار دادیم تا عمل پیش جوانه‌زنی انجام شود سپس بذرهای جوانه‌زده به روش کشت کپه‌ای کشت شد. در طی مرحله داشت عملیاتی از قبیل آبیاری بوته‌ها، مبارزه با علف‌های هرز، آفات و بیمارها صورت گرفت.

در طی رشد صفات مختلف برطبق دستورالعمل ملی آزمون‌های تمایز، یکنواختی و پایداری در خیار تهیه شده توسط مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال ثبت شدند (Anonymous, 2012). این صفات عبارتند از طول پانزده میانگره اول، سطح برگ با استفاده از پلانیمتر، تزئینات سطح میوه جوان، رنگ تزئینات، پارتنوکارپی، طول میوه، شکل غالب میوه در محل اتصال دم در مرحله عرضه به بازار، رنگ زمینه پوست میوه در مرحله عرضه به بازار، وجود شیار در سطح میوه، تلخی برگ لپه‌ای، وجود تلخی در میوه، تعداد گل ماده در هر گره، تیپ رشد، موجدار بودن حاشیه برگ، تاول برگ، شدت رنگ سبز، اندازه پهنک، تعداد شاخه جانبی، قدرت رشد، طول پارهنگ انتهایی، عرض پارهنگ انتهایی، طول گردن میوه، شدت رنگ زمینه میوه در مرحله عرضه به بازار، وجود یا عدم وجود زگیل روی میوه، طول دم میوه، ضخامت دم میوه، تراکم لکه‌های سطح میوه، وجود شیار در سطح میوه. برای انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و بررسی نحوه پراکنش لاین‌ها با استفاده از نمودارهای دو بعدی و سه بعدی از نرم افزار SPSS استفاده شد. برای انجام تجزیه خوشه‌ای از روش متوسط فاصله بین گروها (UPGMA) با معیار فاصله اقلیدسی روی داده‌ها با کمک نرم‌افزار NTSYSpc استفاده شد.

نتایج و بحث

نتایج ارزیابی صفات مختلف در جدول (۱) آورده شده است. بر این اساس لاین‌های A6 و A13 بیشترین طول بوته (۱۸۵ سانتی‌متری) و بیشترین تعداد شاخه فرعی (۱۳ شاخه فرعی) را دارا بودند و لاین‌های A2 و A5 کمترین طول بوته (۷۰ سانتی‌متر) و کمترین تعداد شاخه فرعی (به‌ترتیب دو و پنج شاخه) را دارا بودند. از نظر زودرسی و زمان ظهور اولین گل ماده، لاین A8 نسبت به سایر لاین‌ها زودرس‌تر بود و ۳۸ روز بعد از کاشت اولین گل‌های ماده در این لاین ظاهر شد. لاین‌های A11 و B9 دیر گل‌تر از سایر لاین‌ها بوده و حدود ۶۵ روز بعد از کاشت تولید گل‌های ماده نمودند. از نظر سطح برگ و وزن خشک برگ، لاین B2 با ۲۰۰/۲۵ سانتی‌متر مربع و ۴/۰۸ گرم به‌ترتیب بیشترین سطح برگ و وزن خشک برگ را دارا بود و لاین B10 با ۴۹/۸۲ سانتی‌متر مربع و ۰/۵۹ گرم به‌ترتیب کمترین سطح برگ و وزن خشک را دارا بود. از نظر طول و عرض پارهنگ انتهایی برگ لاین‌های A4 و B16 به‌ترتیب با ۱۲و ۱۳ سانتی‌متر طول پارهنگ انتهایی و ۲۱ و ۲۲ سانتی‌متر عرض پارهنگ انتهایی بیشترین طول و عرض پارهنگ انتهایی را دارا بودند. از نظر نسبت گل نر به گل ماده لاین‌های B10 و B12 با تعداد سه گل ماده در هر گره بیشترین گل ماده در هر گره را دارا بودند. نسبت گل‌های نر به ماده در سایر لاین‌ها برابر و در همه لاین‌ها این نسبت برابر یک بود. از نظر طول میوه لاین‌ها ی A11، A8، B2، B11، A9 و A10 بیشترین طول میوه (۱۰۰- ۱۲۰ سانتی‌متر) را دارا بودند و لاین A1 کمترین طول میوه (۵ سانتی‌متر) را دارا بودند.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات موروفولوژیکی

با توجه به وجود همبستگی مثبت و معنی‌دار بین بسیاری از صفات مورفولوژیکی به منظور درک بهتر ارتباط بین صفات تجزیه به مؤلفه‌ها انجام شد. بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و با توجه به اسکری گراف و وزن مؤلفه، مؤلفه ۱ تا ۱۲ انتخاب شدند که به‌ترتیب ۱۸، ۱۲، ۱۱، ۹، ۸، ۶، ۵،۵، ۴/۵، ۴/۴،۴/۷، ۳/۳ و ۲/۸ درصد و در مجموع ۸۸ درصد از کل واریانس متغیرها را توجیه نمودند (جدول ۲).

جدول ۱- برخی از صفات مهم لاین‌های مورد بررسی

Table 1. Some important trait evaluated in lines

لاین‌ها Lines	طول پانزده میانگره اول (سانتی‌متر) Length of 15 nodes (cm)	سطح برگ (سانتی‌متر مربع) Leaf area (cm^2)	زمان ظهور اولین گل ماده (روز از کاشت) First female flower appearance (Day)	تزئینات سطح میوه جوان Fruit skin texture	رنگ تزئینات Fruit skin texture color	پارتنوکارپی Parthenocarpy	طول میوه Fruit lenght
(A0) VIO43565	165	56	54	خاردار (with warts)	سفید (white)	ندارد(absent)	متوسط (Medium)
(A1) VIO33568	180	16	68	خاردار (with warts)	سفید (white)	دارد (present)	کوتاه (Short)
(A2) VIO39980	100	83	54	خاردار (with warts)	سفید (white)	ندارد (absent)	کوتاه (Short)
(A3) VIO43258	120	85	54	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	ندارد (absent)	کوتاه (Short)
(A4)VIO44505	160	179	57	خاردار (with warts)	سفید (white)	ندارد (absent)	کوتاه (Short)
(A5)VIO33545	70	84	52	خاردار (with warts)	سفید (white)	ندارد (absent)	کوتاه (Short)
(A6)VIO33535	180	105	53	خاردار (with warts)	سفید (white)	ندارد (absent)	متوسط (Medium)
(A7)VIO33567	135	115	50	خاردار (with warts)	سیاه (white)	ندارد (absent)	متوسط (Medium)
(A8)VIO33557	80	99	38	خاردار (with warts)	سفید (white)	دارد (present)	بلند (Long)
(A9)VIO33554	135	96	57	خاردار (with warts)	سفید (white)	ندارد (absent)	متوسط (Medium)
(A10)VIO44523	140	79	57	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	ندارد (absent)	متوسط (Medium)
(A11) VIO46156	165	122	65	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	دارد (present)	بلند (Long)
(A12) VIO47926	150	73	50	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	ندارد (absent)	کوتاه (Short)
(A13)VIO47036	180	121	۵۳	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	ندارد (absent)	بلند (Long)
(B2)VIO44505	140	200	50	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	ندارد (absent)	بلند (Long)
(B4)VIO33534	160	136	50	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	دارد (present)	کوتاه (Short)
(B6)VIO33553	170	112	50	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	ندارد (absent)	کوتاه (Short)
(B8)VIO33554	160	109	52	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	ندارد (absent)	کوتاه (Short)
(B9)VIO33541	170	121	40	خاردار (with warts)	سیاه (Black)	دارد (present)	متوسط (Medium)
(B10)118	130	50	65	کرکدار (with spines)	سفید (white)	ندارد (absent)	متوسط (Medium)
(B11)114	170	95	53	کرکدار (with spines)	سیاه (Black)	ندارد (absent)	بلند (Long)
(B12)119	130	62	50	کرکدار (with spines)	سفید (white)	دارد (present)	متوسط (Medium)
(B14)VIO33545	165	69	59	خاردار (with warts)	سفید (white)	ندارد (absent)	کوتاه (Short)
(B15)VIO43263	165	89	57	خاردار (with warts)	سفید (white)	ندارد (absent)	متوسط (Medium)
(B16)VIO339980	130	140	50	خاردار (with warts)	سفید (white)	دارد (present)	کوتاه (Short)

ادامه جدول ۱- برخی از صفات مهم لاین‌های مورد بررسی

Table Continue 1. Some important trait evaluated in lines

لاین‌ها Lines	شکل غالب میوه در محل اتصال دم در مرحله عرضه به بازار Peduncle shape at marketable stage	رنگ زمینه پوست میوه در مرحله عرضه به بازار Secondary fruit skin colour at marketable stage	وجود شیار در سطح میوه Ribes	تلخی برگ لپه‌ای Bitterness in cotyledons	وجود تلخی در میوه Bitterness in fruit	تعداد گل ماده در هر گره Number of female flower per nod	تیپ رشد Growth habit
(A0) VIO43565	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(A1) VIO33568	پخ (Flattened)	زرد (yellow)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(A2) VIO39980	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	محدود (bushy)
(A3) VIO43258	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	محدود (bushy)
(A4)VIO44505	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	دارد (present)	1	نامحدود (prostrate)
(A5)VIO33545	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	محدود (bushy)
(A6)VIO33535	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(A7)VIO33567	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(A8)VIO33557	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	1	محدود (bushy)
(A9)VIO33554	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(A10)VIO44523	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(A11) VIO46156	گردن‌دار (Crooked neck)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(A12) VIO47926	پخ (Flattened)	زرد (yellow)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(A13)VIO47036	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(B2)VIO44505	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(B4)VIO33534	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(B6)VIO33553	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	دارد (present)	1	نامحدود (prostrate)
(B8)VIO33554	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	دارد (present)	1	نامحدود (prostrate)
(B9)VIO33541	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(B10)118	گردن‌دار (Crooked neck)	سبز تیره (dark green)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	2	محدود (bushy)
(B11)114	گردن‌دار (Crooked neck)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	محدود (bushy)
(B12)119	گردن‌دار (Crooked neck)	سبز تیره (dark green)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	3	محدود (bushy)
(B14)VIO33545	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(B15)VIO43263	پخ (Flattened)	زرد (yellow)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	ندارد (absent)	1	نامحدود (prostrate)
(B16)VIO339980	پخ (Flattened)	سبز روشن (light green)	ندارد (absent)	دارد (present)	ندارد (absent)	1	محدود (bushy)

جدول ۲- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی
Table 2. Principal component analysis

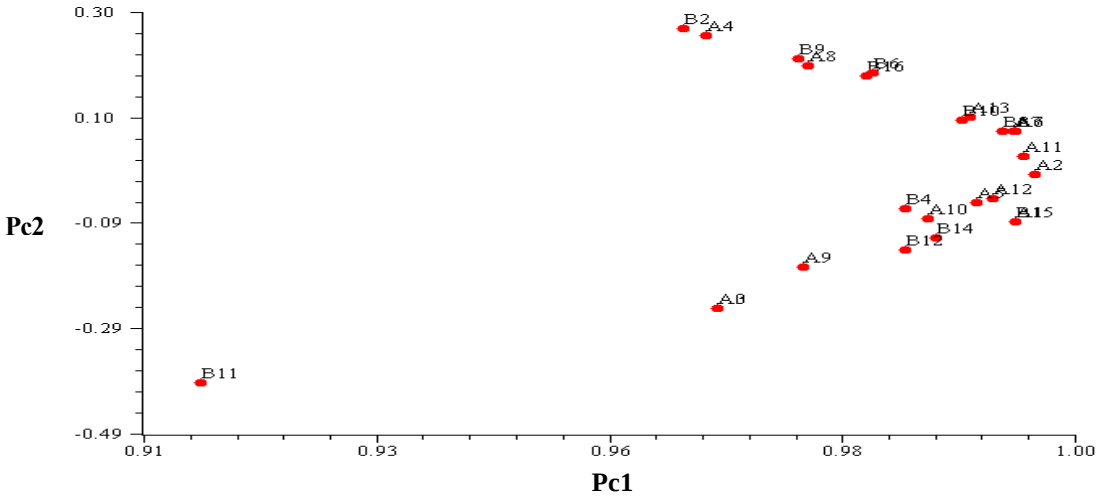
شماره مؤلفه Number of component	درصد واریانس مربوطه Percent of variance	درصد تجمعی واریانس Cumulative percent of variance	وزن مؤلفه Eigen value of component
1	17.97	17.97	6.28
2	12.25	30.22	4.28
3	11.45	41.65	4.00
4	8.74	50.41	3.05
5	7.52	57.93	2.63
6	6.12	64.05	2.14
7	5.13	69.18	1.79
8	4.53	73.71	1.58
9	4.29	78.00	1.50
10	3.77	81.77	1.31
11	3.44	85.21	1.20
12	2.86	88.07	1.00

نقش مؤلفه‌های متعدد در توجیه تنوع موجود حاکی از آن است که صفات مورد بررسی جنبه‌های متعددی از ژنوتیپ‌ها را مورد بررسی قرار داده و انتخاب صفات به‌طور مناسبی برای بررسی تنوع صورت گرفته است و تأییدکننده کارایی دستورالعمل تمایز، یکنواختی و پایداری خیار است (Anonymous, 2012). بزرگی سهم هر مؤلفه در تفکیک بهتر ارقام و اعتبار بالای روابط مشاهده شده تأثیر می‌گذارد. در صورتی که بین ژنوتیپ‌ها همبستگی یا مشابهت‌هایی وجود داشته باشد این مؤلفه قادر خواهد بود تا گروه‌بندی مناسبی را به وجود آورد و ارقام را در گروه‌های مجزا تفکیک نماید. در تبیین مؤلفه اول صفات سطح برگ، قدرت رویشی گیاه، طول پارهنگ انتهایی، عرض پارهنگ انتهایی، طول دم میوه مهم‌ترین نقش را ایفا نمودند. در مؤلفه دوم صفات تلخی برگ‌های لپه‌ای، وجود لکه در میوه، ضخامت دم میوه و تلخی میوه مهم‌ترین نقش را ایفا نمودند. در مؤلفه سوم تعداد زگیل در میوه جوان، وجود شیار در سطح میوه و برجستگی شیارها و در مؤلفه چهارم اندازه پهنک، شدت رنگ سبز برگ، تراکم لکه و رنگ زمینه پوست در زمان رسیدن میوه در مؤلفه پنجم طول میانگره شاخه‌های جانبی، زمان تشکیل گل ماده، محل ظهور گل ماده، تعداد گل ماده در هر گره و پارتنوکارپی در مؤلفه ششم تظاهر جنسیت در مؤلفه هفتم رنگ تزیینات میوه در مؤلفه هشتم نسبت طول به قطر میوه در مؤلفه نهم تراکم تزیینات سطح میوه در مؤلفه دهم طول میوه در مؤلفه یازدهم تیپ رشد گیاه در مؤلفه دوازدهم تعداد شاخه جانبی و موج دار بودن حاشیه برگ مهم‌ترین نقش را داشتند. با توجه به نمودار بای‌پلات (شکل ۱) در مورد لاین B2 و هم‌چنین تاحدود زیادی درخصوص لاین‌های A4، B9 و A8 مؤلفه اول نقش زیادی در تبین تنوع آن‌ها دارد در حالی‌که در مورد لاین B11 و لاین A3 مؤلفه دوم نقش زیادی در تبیین واریانس آن‌ها دارد و در مورد سایر لاین‌ها نقش دو مؤلفه تقریبا یکسان است. از آنجا که تلاقی لاین‌هایی که در مناطق مختلف نمودار بای پلات قرار می‌گیرند قابل توصیه است (Olfati *et al.*, 2010). در برنامه‌های اصلاحی تلاقی لاین‌های B2، A4، B9 و A8 با لاین‌های B11 و A3 برای رسیدن به ترکیبی مناسب از صفات دو مؤلفه قابل توصیه است.

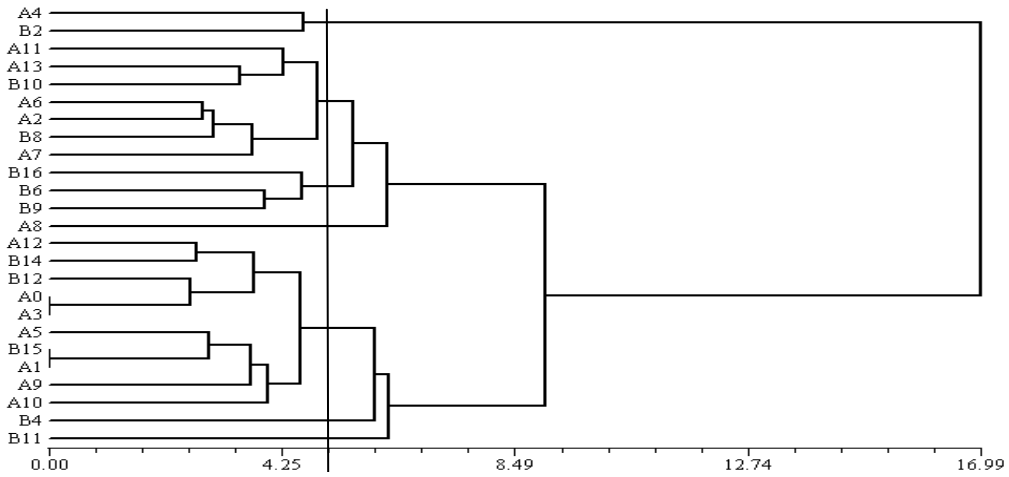
تجزیه خوشه‌ای

برای انجام تجزیه کلاستر استفاده از روش‌های مختلف تعیین فاصله با استفاده از نرم‌افزار NTSYSpc استفاده شد که در بین روش‌های تعیین فاصله روش فاصله اقلیدسی به‌عنوان بهترین معیار برای تعیین فاصله بین لاین‌ها انتخاب شد. برای گروه‌بندی افراد نیز از روش متوسط فاصله بین گروه‌ها (UPGMA) که منجر به بیشترین ضریب کوفنتیک یعنی انتقال اطلاعات ماتریس فاصله به نمودار شد استفاده گردید. ضریب کوفنتیک برای ۲۵ لاین خیار ۰/۸۴۲ بود. که بیانگر انتقال نسبتاً خوب اطلاعات ماتریس فاصله به نمودار است. براساس برش دندروگرام (شکل ۲) کلیه لاین‌ها در هفت گروه دسته‌بندی شد. این برش بر اساس هدف نهایی آزمایش A3 یعنی انتخاب لاین‌های مناسب

برای اجرای یک آزمایش دی‌آلل انجام شد زیرا بهترین تعداد لاین‌های مادری در آزمایش دی‌آلل ۵ تا ۸ والد است. گروه اول شامل لاین‌های B2 و A4 می‌باشد. در گروه دوم لاین‌های B10، A13، A6،A11، A7، A2 و B8 قرار داشتند. گروه سوم شامل لاین‌های B16، B6 و B9 بود. در گروه چهارم فقط لاین A8 قرار گرفت. گروه پنجم شامل لاین‌های B14، A12، A9، A1، B15، A5، A0، B12 و A10 بود. در گروه ششم لاین B4 قرار داشت. گروه هف تم شامل لاین B11 بود. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها نشان از تنوع قابل توجه در بین آن‌ها داشت. نتایج این تحقیق با نتایج محققینی که تنوع ژنتیکی بالایی را بین ژنوتیپ‌های مختلف خیار گزارش کردند مطابقت داشت (Golabadi *et al.*, 2012). تنوع اصلی‌ترین ابزار اصلاحی است و اصلاح‌گران در انتخاب ژنوتیپ‌های مادری تلاش می‌کنند تا ترکیب والدینی را به گونه‌ای انتخاب کنند که نتایجی با حداکثر تنوع داشته باشند تا شانس یافتن ترکیب‌های مورد نظر مطلوب افزایش یابد (Olfati *et al.*, 2011).از طریق تجزیه به مؤلفه‌های اصلی هم می‌توان لاین‌های والدینی را به گونه‌ای انتخاب کرد که مکمل یکدیگر باشند و در نتایج آن‌ها انتظار ظهور ژنوتیپ‌هایی با ترکیب صفات مطلوب والدینی را داشته باشیم (Olfati *et al.*, 2010).



شکل ۱- بای پلات دو مؤلفه اصلی اول برای ژنوتیپ‌های مختلف
Figure 1. Bi-Plot of components for genotypes



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش (UPGMA) برای ۲۵ لاین خیار با استفاده از معیار فاصله اقلیدسی
Figure 2. Cluster diagram by using UPGMA and Euclid distances for 25 lines of cucumber

نتیجه‌گیری

نتایج این تحقیق نشان داد که تنوع قابل توجهی در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی وجود دارد که در برنامه‌های اصلاحی آتی قابل استفاده است ضمن این‌که نتایج روش‌های آماری چندمتغیره راهکارهایی برای تلاقی‌های هدفمند ژنوتیپ‌ها در تحقیقات آتی نشان داد به‌طوری‌که ژنوتیپ‌هایی که در گروه‌های مختلف در تجزیه کلاستر قرار گرفتند و دارای ویژگی‌های برتر از نظر مؤلفه‌های متفاوت بودند را می‌توان برای ایجاد ژنوتیپ‌های نوترکیب با هم تلاقی داد. بر این اساس و با توجه به نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه کلاستر از گروه اول لاین B2، از گروه دوم لاین B10، از گروه سوم لاین B6، از گروه چهارم لاین A8، از گروه پنجم لاین A10، از گروه ششم لاین B4 و نهایتاً از گروه هفتم لاین B11 برای ادامه روند اصلاحی پیشنهاد می‌گردند.

References

Ali-Abadi, E., Amiri, R. and Lotfy, M. (2012). Inheritance of traits affecting flavor in cucumber and introduction of the best index for flavor breeding. Seed and Plant Improvement Journal, 28(1), 1-15.

Anonymous. (2012). National Guideline for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability of cucumber. Seed and plant certification and registration institute. [In Farsi]

Chi Zhang, P., Arun, S., Natarajan, S. and Natesan, K. T. (2012). Evaluation of morphological and molecular diversity among south asian germplasms of *Cucumis sativus* and *Cucumis melo*. International Scholarly Research Notices, 11, 235-243.

FAO. (2013). Agrostat database. Retrieved from: http://apps.fao.org/.

Golabadi, M., Golkar, P. and Eghtedary, A. R. (2012). Assessment of genetic variation in cucumber (*cucumis sativus L.*) genotypes. Journal of Experimental Biology, 2(5), 1382-1388.

Keshavarz, S., Bagheri, M., Jafari, P. and Ghanbari, A. A. (2006). Classification of genetic variation in Iran cucumber. Seed and Plant Improvement Journal, 29(2), 227-241.

Olfati, J. A., Samizadeh, H., Peyvast, Gh., Rabie, B. and Khodaparast, S. A. (2010). Parental line selection for cucumber hybrid seed production by principal component analysis. International Journal of Vegetable Science, 16(4), 316-325.

Olfati. J. A., Samizadeh, H., Peyvast, Gh., Rabiei., B. and Khodaparst, S. A. (2011). Relationship between genetic distance and heterosis in cucumber. International Journal of Plant Breeding, 6(1), 14-20.

Rahai, M., Tabatabai, A., Booshahri, B. A., Mishani, R. P. and Malbui, M. E. (2003). Genetic diversity among some chickpea using AFLP. Journal of Tropical Agriculture, 41, 253-262.

Rajiv-Krishna, P., Arunachalam, D. A. and Venkatachalam, R. (2011). Fingerprinting in cucumber and melon *(Cucumis* spp.) genotypes using morphological and ISSR markers. Journal of Crop Science and Biotechnology, 14(1), 39-43.

Razavi, M. (1998). Assessment of genetic variation in olive germplasm collection. M.Sc. Thesis of Horticultural Sciences, University of Tehran, Tehran.

Sheikh-Ali, M. (2002). Assessment of genetic variation in wheatgrass. M.Sc. Thesis of Horticultural Sciences, University of Guilan, Rasht.

Evaluation of Genetic Variation and Determination of Genetic Distance in Some Cucumber Lines by Principal Component and Cluster Analysis

F. Moradipour[1], J.A. Olfati[2]*, Y. Hamidoghli[3], A. Sabouri[4] and B. Zahedi[5]

1- Ph.D. Graduate of Horticultural Sciences, University Compus 2, University of Guilan, Rasht, Iran
2- ***Corresponding Author:** Assistant Professor, Department of Horticultural Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran (jamalaliolfati@gmail.com)
3- Associate Professor, Department of Horticultural Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
4- Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran
5- Assistant Professor, Department of Horticultural Sciences, Faculty of Agricultural Sciences, University of Shahre-Kord, Shahre-Kord, Iran

Received: 9 September, 2015 Accepted: 29 June, 2016

Abstract

Background and Objectives

Identification and collection of superior genotypes in horticultural plants is the first step in breeding programs. In our country, insufficient knowledge about horticultural plants germplasm is the important limiting factor for improving programs on horticultural crops specially cucumber. The aim of this study was grouping of different cucumber genotypes based on some morphological traits and their genetic distances .

Materials and Methods

25 cucumber lines were evaluated by measurement of 25 morphological traits using principal component and cluster analysis. Seed of all lines were obtained from the Asian Vegetable Research and Development Center (Shanhua, Tainwan). To develop transplants cucumber seeds were sown in single plastic pots (12×11 cm) filled with peat in a greenhouse. The loamy sand soil was prepared by plowing and disking. There was a preplanting application of urea nitrogen, 50 kg·ha-1, and 100 kg·ha-1 of phosphorus. The soil was formed into raised beds with rows on 1.2 m centers. Data were collected from 12 plants in a row per plot of each accession and 25 morphological traits were determined.

Results

The result of PCA showed that twenty main factors accounted for %88 of total variance. Contribution of each component to arrangement was 17.97, 12.25, 11.45, 8.74, 7.52, 6.12, 5.13, 4.53, 4.29, 3.77, 3.44, and 2.86 percent of total variance. Cluster analysis based on Euclidean distance and UPGMA was used to cluster the lines. According to the cluster analysis the lines were grouped in 7 clusters and cophenetic coefficient was 0.842.

Discussion

In this research, there was high genetic diversity between the studied lines that can be used for heterosis breeding by parental line selection for crossing to reach suitable cultivars.

Keywords: Euclidean distance, Cophenetic coefficient, Cucumber breeding