Research Article

Plant Prod., 2020,43(3), 387-396
DOI: 10.22055/ppd.2019.28002.1691

ISSN (P): 2588-543X
ISSN (E): 2588-5979

Phenotypic Diversity for Fruit Yield and some Related Traits in Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) Local Populations of Kalaybar Region

Behrooz Valaei[1] and Iraj Bernousi[2]*

1. M.Sc. Graduate of Plant Breeding, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran
2. Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran (i.bernosi@urmia.ac.ir)

Received: 25 December, 2018 Accepted: 22 June, 2019

Abstract

Background and Objectives

Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is one of the vegetable crops of a global economic importance. The reduction of genetic variation in tomato through domestication and breeding has resulted in the need for conservation and utilization of all existing genetic resources. Local populations are among the most important genetic resources. They are often heterogeneous and composed of different genotypes which are mostly homozygous. Therefore, assessment of their diversity requires a different approach of common methods. The objective of this study was estimating the phenotypic variation among and within the tomato local populations of Kalaybar area using Nei's genetic diversity index.

Materials and Methods

Plant material consisted of 8 tomato local populations collected from Kalaybar area in the East Azerbaijan province. The experiment was carried out as a randomized complete block design with three replications. A total of 36 plants of each population in three blocks were planted with the distance of 140 cm between rows and 80 cm between plants. Seven traits, including fruit yield and some of its related traits, was measured. All continuous traits were divided into three classes with equal width and the frequency of classes was used to estimate total diversity index (H_T), phenotypic diversity within each population (Hs) for each trait. Then, mean diversity index ($\bar{H}s$) for all traits, proportion of phenotypic diversity among populations (G_{ST}) for each trait, and mean diversity index for each population across all traits ($\bar{H}p$) were calculated.

Results

The total diversity index (H_T) for each trait ranged from 0.46 to 0.53 with an average of 0.49. Most of values were around the mean. All traits had relative high value of mean diversity index ($\bar{H}s$ > 0.40). The mean phenotypic diversity among populations (G_{ST}) was 0.10. For the majority of traits, little diversity was observed among populations. The greatest value of G_{ST} (0.16) was relevant to the mean of fruit weight per plant. Most of population had similar magnitudes of mean phenotypic diversity within each populations ($\bar{H}p$) across all traits (0.42 to 0.49). The fruit yield (0.51) and mean of fruit weight per plant (0.51), the number of fruit per plant (0.56), the number of node on stem (0.54), the number of floret (0.54), the number of days to flowering (0.44), and the number of days to fruit (0.54), had the highest diversity index (Hs) values in

© 2020 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.

Gharavanloo, Rostamkandi, Sheykhlan-sofla and Kalantar, Sheykhlan-olya, Alisharloo, and Sheykhlan-olya populations, respectively.

Discussion

The results showed a relatively wide phenotypic diversity present in tomato local population of Kalaybar area for most of the studied traits. The highest diversity was within the populations and there was little variation among the populations. The traits that contributed the most to within populations' heterogeneity differed from population to population. However, the Sheykhlan-olya population had the highest fruit yield (4.83), the number of fruits (18.4), the number of nodes on stem (20.7), the number of flowers (83.5), and it was concluded that population could be used as a genetic source for future tomato breeding programs in Kalaybar region.

Keywords: Diversity index, Fruit traits, Native varieties, Nei's index

مقاله پژوهشی

Plant Prod., 2020,43(3), 387-396
DOI: 10.22055/ppd.2019.28002.1691
ISSN (P): 2588-543X
ISSN (E): 2588-5979

تنوع فنوتیپی برای عملکرد میوه و برخی صفات مرتبط با آن در جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum* L.) منطقه کلیبر

بهروز والایی[۱] و ایرج برنوسی[۲]*

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد اصلاح نباتات، گروه اصلاح و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
۲- دانشیار، گروه اصلاح و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران (i.bernosi@urmia.ac.ir)

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۱۰/۰۴ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۰۴/۰۱

چکیده

به‌منظور بررسی تنوع فنوتیپی درون و بین ۸ جمعیت محلی گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum* L.)، از منطقه کلیبر استان آذربایجان شرقی، آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در سال ۱۳۹۲ انجام گردید. در مجموع ۳۶ بوته از هر جمعیت با ۱۴۰ سانتی‌متر فاصله ردیف و ۸۰ سانتی‌متر فاصله بوته در سه بلوک کاشته شد. ۷ صفت شامل عملکرد میوه و برخی صفات مرتبط با آن اندازه‌گیری شد. داده‌های تمام صفات به سه دسته با عرض مساوی تقسیم شدند. فراوانی دسته‌ها، برای برآورد شاخص تنوع کل (H_T) و شاخص تنوع برای هر صفت در هر جمعیت (Hs)، استفاده شد و سپس میانگین شاخص تنوع برای هر صفت ($\bar{H}s$)، نسبت تنوع فنوتیپی بین جمعیت‌ها (G_{ST}) و میانگین شاخص تنوع برای هر جمعیت ($\bar{H}p$) محاسبه گردید. شاخص تنوع کل (H_T) برای هر صفت، با میانگین ۰/۴۹، از ۰/۴۶ تا ۰/۵۳ متغیر بود. بیشتر مقادیر در اطراف میانگین بودند. میانگین شاخص تنوع برای تمام صفات، نسبتاً بالا بود ($\bar{H}s \geq$۰/۴۰). میانگین نسبت تنوع فنوتیپی بین جمعیت‌ها (G_{ST})، ۰/۱۰ بود. برای اکثر صفات تنوع کمی در میان جمعیت‌ها مشاهده شد. بیشترین مقدار G_{ST} مربوط به میانگین وزن میوه در بوته (۰/۱۶) بود. میانگین شاخص تنوع برای هر جمعیت ($\bar{H}p$)، در بیشتر جمعیت‌ها مشابه بود (۰/۴۲ تا ۰/۴۹). نتایج نشان داد تنوع فنوتیپی نسبتاً وسیعی در جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی منطقه کلیبر برای صفات مورد مطالعه وجود دارد.

کلیدواژه‌ها: ارقام بومی، شاخص تنوع، شاخص نی، صفات میوه

مقدمه

گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum* L.) یکی از سبزیجات مهم اقتصادی در سراسر جهان است. میوه آن سرشار از لیکوپن (آنتی‌اکسیدان)، اسید اسکوربیک و بتا کاروتن است و به‌صورت تازه و یا فرآوری‌شده مصرف می‌شود (Basset, 1986).

گوجه‌فرنگی، احتمالاً بومی امریکای جنوبی می‌باشد (Bauchet and Causse, 2012). این گیاه در قرن شانزدهم وارد اروپا شده و در اوایل قرن نوزدهم از آنجا به آسیا راه‌یافته است. در اواخر قرن نوزدهم، ارقام متعدد گوجه‌فرنگی حاصل‌شده از اهلی شدن و برخی کارهای اصلاحی اولیه در دسترس بودند. ارقامی که از آن زمان، تحت شرایط خاصی از یک منطقه جغرافیایی محدود توسط کشاورزان کشت و گزینش شده‌اند را می‌توان

به‌عنوان ارقام محلی در نظر گرفت (Bai and Lindhout, 2007). با وجود این‌که، بسیاری از ارقام محلی، به دلیل جایگزینی با ارقام اصلاح‌شده، از بین رفته‌اند، تعدادی از آن‌ها جمع‌آوری‌شده و در بانک‌های ژن نگهداری می‌شوند (Terzopoulos et al., 2009). برخی از این ارقام نیز، هنوز در سطوح محدودی توسط کشاورزان محلی کشت می‌گردند و بذر آن‌ها به‌طور معمول در بازارهای محلی یافت می‌شود (Garcia-Martinez et al., 2006).

ارقام محلی گوجه‌فرنگی، از منابع ژنتیکی مهم برای به‌نژادگران، محسوب می‌شوند (Garcia-Martinez et al., 2006). این ارقام تحت تنگناهای مختلف (گزینش مصنوعی و طبیعی) به تدریج توسعه یافته‌اند، از این‌رو، ممکن است برای ایجاد ارقام جدید مناسب، برای سیستم‌های تولید ارگانیک و یا سیستم‌های تولید با نهاده کم، به کار گرفته شوند (Sacco et al., 2015). همچنین، در طول سال‌های گذشته تقاضای مصرف‌کنندگان برای عطر و طعمی که در ارقام محلی گوجه‌فرنگی وجود دارد به‌طور فزاینده‌ای افزایش یافته است (Brugarolas et al., 2009; Causse et al., 2010). از این‌رو، آن‌ها می‌توانند برای رسیدن به این هدف مورد استفاده قرار بگیرند.

با وجود این‌که، گوجه‌فرنگی گیاهی با درجه خود گرده افشانی بالا است، هیبریدهای گوجه‌فرنگی مقداری هتروزیس نشان می‌دهند، اما برنامه‌های انتخاب دوره‌ای برای گزینش والدین با ترکیب‌پذیری بالا، شبیه آنچه که در سایر گیاهان زراعی استفاده می‌شود، یک شیوه معمول در اصلاح گوجه‌فرنگی نیست. بلکه، هیبریدها برای وجود هتروزیس، در آخرین مراحل برنامه‌های اصلاحی، مورد ارزیابی قرار می‌گیرند. از این‌رو، در بیشتر برنامه‌های اصلاح گوجه‌فرنگی، توسعه و آزادسازی لاین‌های خالص، به‌عنوان رقم جدید و یا والدین هیبریدها مدنظر می‌باشد (Bai and Lindhout, 2007).

در هر برنامه اصلاحی موفق، یکی از مهم‌ترین تصمیم‌های مربوط به به‌نژادگران، انتخاب ژرم پلاسم اولیه مناسب است. همچنین، از آنجایی‌که بهبود ژنتیکی گیاهان، از جمله گوجه‌فرنگی، متکی بر وجود تنوع ژنتیکی است، آگاهی از میزان و ماهیت تنوع ژنتیکی برای به‌نژادگران ضروری است. سرانجام، در یک برنامه اصلاحی با هدف افزایش عملکرد، نه تنها نیازمند توجه به عملکرد، بلکه همچنین سایر صفات است که تأثیر مستقیم یا غیرمستقیم بر عملکرد دارند (Kumar et al., 2013).

تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی در میان ارقام محلی گوجه‌فرنگی با استفاده از صفات مرفولوژیکی، خصوصیات بیوشیمیایی و نشانگرهای مولکولی در نقاط مختلف جهان گزارش شده است (Carelli et al., 2006; Terzopoulos and Bebeli, 2008; Henareh et al., 2015; Mazzucato et al., 2008)، هنوز اطلاعات در مورد تنوع موجود در درون آن‌ها محدود است (Mazzucato et al., 2008; Terzopoulos et al., 2009). با وجود این‌که، نشانگرهای مولکولی ابزارهای مفیدی برای ارزیابی تنوع و توصیف ساختار ژنتیکی گیاهان هستند، استفاده از صفات فنوتیپی که به آسانی قابل اندازه‌گیری باشند، می‌تواند یک رویکرد اولیه و با هزینه کم می‌باشد (Tagliotti et al., 2018). گزارش‌هایی از ارزیابی تنوع ژنتیکی در توده‌های هندوانه (Hajiali et al., 2017) و خیار چنبر (Dastranji et al., 2017) بومی ایران با استفاده از صفات مورفولوژیک وجود دارد.

در سال‌های اخیر ارزیابی تنوع فنوتیپی با استفاده از شاخص تنوع ژنتیکی نی به‌عنوان رویکردی جدید، در باقلا (Terzopoulos et al., 2008)، گوجه‌فرنگی (Terzopoulos and Bebeli, 2010) و لوبیا چشم‌بلبلی (Lazaridi et al., 2017) گزارش شده است. با این روش، علاوه بر تنوع بین و درون جمعیت‌ها، به‌طور هم زمان، به سهم صفات در ایجاد تنوع نیز پی برده می‌شود. آماره نی اغلب برای بررسی تنوع ژنتیکی، بر اساس فراوانی ژنی یا نشانگرهای مولکولی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Rothe, 1994)، درحالی‌که، در این رویکرد، شاخص‌های تنوع بر

مبنای فراوانی داده‌های دسته‌بندی‌شده مرفولوژیکی و یا زراعی، محاسبه می‌شوند. به عقیده نویسندگان، تاکنون هیچ مطالعه‌ای بر روی ارقام محلی منطقه کلیبر انجام نشده است. اهداف این مطالعه، ۱) توصیف جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی منطقه کلیبر بر اساس عملکرد میوه و برخی صفات مرتبط با آن، ۲) ارزیابی تنوع فنوتیپی برای عملکرد میوه و برخی صفات مرتبط با آن در درون و بین جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی منطقه کلیبر، به‌منظور تهیه منبع ژنتیکی اولیه مناسب جهت گزینش لاین‌های خالص مطلوب بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

مواد گیاهی شامل ۸ جمعیت محلی گوجه‌فرنگی بود که از روستاهای متعلق، رستم کندی، علیشارلو، شیخلان علیا، شیخلان سفلی، کلنتر، قره‌وانلو و قانلو سیرک شهرستان کلیبر واقع در استان آذربایجان شرقی جمع‌آوری شده است. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی جهاد کشاورزی در بخش آبش احمد شهرستان کلیبر با مختصات طول جغرافیایی ۴۷ درجه و دو دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۸ درجه و ۵۲ دقیقه شمالی با ارتفاع ۱۱۴۴ متر از سطح دریا انجام شد. در مجموع ۳۶ بوته از هر جمعیت محلی با ۱۴۰ سانتی‌متر فاصله ردیف و ۸۰ سانتی‌متر فاصله بوته در سه بلوک کاشته شد. ۷ صفت شامل عملکرد میوه در هر بوته (کیلوگرم)، تعداد میوه در هر بوته، میانگین وزن میوه (گرم)، تعداد گره ساقه، تعداد گلچه، تعداد روز تا گلدهی، تعداد روز تا میوه‌دهی بر اساس دستورالعمل گوجه‌فرنگی (IPGRI, 1996) اندازه‌گیری شد.

تجزیه آماری

تمام صفات پیوسته با تقسیم دامنه، به سه دسته با عرض مساوی، به مقیاس رتبه‌ای (ترتیبی) تبدیل شد و فراوانی دسته‌ها محاسبه گردید. این کار برای تمام جمعیت‌ها (به‌عنوان یک جمعیت واحد) و همچنین برای هر جمعیت به‌طور جداگانه انجام گرفت. سپس، با استفاده از فراوانی دسته‌ها، شاخص تنوع کل (H_T) برای هر صفت و شاخص تنوع برای هر صفت در هر جمعیت (Hs)، بر اساس رابطه (۱) (Hamrick and Godt, 1997) برآورد گردید.

رابطه (۱) $H = 1\text{-}\sum p_i^2$

که در آن H احتمال این که دو بوته‌ای که به‌طور تصادفی انتخاب می‌شوند در یک گروه فنوتیپی قرار بگیرند (دارای فنوتیپ یکسانی باشند) است و p_i فراوانی گروه‌ها در هر جمعیت یا کل جمعیت‌ها است.

سپس میانگین شاخص تنوع برای هر صفت ($\bar{H}s$) و میانگین شاخص تنوع برای هر جمعیت ($\bar{H}p$)، محاسبه شد. نسبت تنوع فنوتیپی بین جمعیت‌ها (G_{ST}) برای هر صفت نیز با استفاده از رابطه (۲) برآورد گردید.

رابطه (۲) $G_{ST} = (H_T - \bar{H}s)/H_T$

از آنجایی‌که مقایسه صفات با تعداد دسته‌های نامساوی اریب خواهد بود، میانگین شاخص تنوع برای هر صفت ($\bar{H}s$) گسسته (شمارشی) که تعداد دسته‌های آن‌ها بیشتر از سه بود. با استفاده از رابطه (۳) بر اساس سه گروه تصحیح شد (Terzopoulos et al., 2008).

رابطه (۳) $\bar{H}s_{(\text{تصحیح شده})} = \bar{H}s_{(\text{تصحیح نشده})} - \frac{z}{x \times y}$

که y و x به‌ترتیب تعداد گروه‌ها قبل و بعد از تصحیح و z اختلاف آن دو ($y - x$) است.

به‌منظور پی بردن به تفاوت‌های احتمالی در میان جمعیت‌ها و صفات مورد مطالعه، از لحاظ میزان تنوع، تجزیه واریانس داده‌های شاخص تنوع (Hs)، به‌ترتیب با در نظر گرفتن صفات به‌عنوان تکرار و جمعیت‌ها به‌عنوان تکرار، انجام گرفت. آزمون نرمال بودن اشتباهات قبل از تجزیه واریانس داده‌ها، با استفاده از نرم‌افزار SPSS انجام شد.

نتایج و بحث

ارزیابی تنوع درون و بین جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی (که به طور عمده مخلوطی از لاین‌های خالص هستند) می‌تواند با تکثیر بذر تعدادی تک بوته از هر جمعیت و کشت آن‌ها، در قالب یک طرح آزمایش و تجزیه واریانس داده‌ها به صورت آشیانه‌ای، که لاین‌ها در درون جمعیت‌ها (نواحی جغرافیایی) آشیان می‌شوند،

انجام بگیرد. با رویکرد مبتنی بر شاخص تنوع ژنتیکی نی، می‌توان، بدون تحمیل هزینه‌های اضافی تنها با اندازه‌گیری صفات مورد مطالعه در مرحله تکثیر بذر از تک بوته‌ها، به ساختار تنوع فنوتیپی پی برد.

میانگین داده‌ها، تغییرات فنوتیپی بین جمعیت‌ها را برای بیشتر صفات مورد مطالعه نشان داد (جدول ۱). عملکرد میوه در هر بوته از ۳/۲۵ تا ۴/۸۳ کیلوگرم، تعداد میوه در هر بوته از ۱۴/۹۰ تا ۱۸/۵۰، میانگین وزن میوه در بوته از ۱۵۶ تا ۲۴۰ گرم، تعداد گره ساقه از ۱۶/۶ تا ۲۰/۷، تعداد گلچه از ۵۶/۰۰ تا ۸۳/۵۰، تعداد روز تا گلدهی از ۸۵/۴۰ تا ۹۰/۶۰، تعداد روز تا میوه‌دهی از ۱۱۷ تا ۱۲۵ متغیر بود. جمعیت‌های مختلف از لحاظ صفات مورد مطالعه میانگین‌های متفاوتی داشتند. برای مثال جمعیت کلنتر، بیشترین مقدار صفت میانگین وزن میوه در هر بوته (۱۸/۵۰) و کمترین مقدار صفات تعداد روز تا میوه‌دهی (۱۱۷)، تعداد روز تا گلدهی (۸۵/۴۰) را داشت و از لحاظ سایر صفات در حد وسط بود.

میزان تنوع فنوتیپی بر اساس شاخص نی (H_T یا Hs)، با تقسیم دامنه صفات به سه دسته، می‌تواند از صفر تا ۰/۶۷ متغیر باشد. مقادیر بالاتر نشان‌دهنده تنوع بیشتر است و مقادیر نزدیک صفر حاکی از تنوع کم می‌باشد. شاخص‌های تنوع، شامل شاخص تنوع کل، شاخص تنوع برای جمعیت، نسبت تنوع فنوتیپی، میانگین شاخص تنوع برای هر صفت و میانگین شاخص تنوع برای هر جمعیت محاسبه و در جدول (۲) آورده شد. در این مطالعه، شاخص تنوع برای هر صفت در هر جمعیت (Hs) مقادیر نسبتاً بالایی نشان دادند. صفاتی که بیشترین سهم را در غیریکنواختی جمعیت‌ها داشتند از جمعیتی به جمعیت دیگر متفاوت بود. عملکرد میوه (۰/۵۱) و میانگین وزن میوه در بوته (۰/۵۱)، تعداد میوه (۰/۵۶)، تعداد گره در ساقه (۰/۵۴)، تعداد گلچه (۰/۵۴) تعداد روز تا گلدهی (۰/۴۴) و تعداد روز تا میوه دهی (۰/۵۴) به ترتیب بیشترین شاخص تنوع (Hs) را در جمعیت‌های قره وانلو، رستم کندی، شیخلان سفلی و کلنتر، متعلق، شیخلان علیا، علیشارلو و شیخلان علیا، داشتند. میانگین شاخص تنوع کل (H_T) از تمام صفات، به میزان ۰/۵۰ بود. بیشترین مقدار آن مربوط به صفت تعداد گره ساقه برابر ۰/۵۳ و کمترین مقدار آن مربوط به صفت تعداد روز تا میوه‌دهی برابر ۰/۴۶ بود. براساس این نتایج، تنوع فنوتیپی بالایی برای تمام صفات مورد مطالعه در جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی منطقه کلیبر وجود دارد. وجود تنوع ژنتیکی در گوجه‌فرنگی‌های محلی یونان (Terzopoulos et al., 2009; Terzopoulos and Bebeli, 2010)، ایتالیا (Corrado et al., 2014)، سوریه (Al-Aysh et al., 2012) و ایران و ترکیه (Henareh et al., 2015) گزارش شده است. نسبت تنوع فنوتیپی (G_{ST})، می‌تواند بین صفر تا یک متغیر باشد. مقادیر بالاتر نشان‌دهنده این است که تنوع بیشتر در بین جمعیت‌ها است و مقادیر پایین‌تر نشاندهنده این است که بیشتر تنوع در درون جمعیت‌ها توزیع شده است. در این مطالعه، نسبت تنوع فنوتیپی (G_{ST}) با میانگین ۰/۱۰، از ۰/۰۴ تا ۰/۱۵ متغیر بود. بیشترین و کمترین مقدار آن به‌ترتیب مربوط به میانگین وزن میوه در بوته و تعداد میوه در بوته بود. با وجود تفاوت در میان صفات، مقدار این شاخص برای تمام صفات پایین بود. این نتایج نشان می‌دهد که بیشتر تنوع فنوتیپی در صفات مورد مطالعه در درون جمعیت‌ها قرار دارد. پایین بودن تنوع بین جمعیتی در این مطالعه، می‌تواند ناشی از تبادل مواد گیاهی (بذر یا نشاء) بین کشاورزان باشد. نزدیکی جغرافیایی محل‌های جمع‌آوری بذر (روستاها) بر صحت این نتیجه‌گیری می‌افزاید. ترزوپولس و ببلی (Terzopoulos and Bebeli, 2010) نسبت تنوع فنوتیپی پایینی (تنوع بین جمعیتی کم) برای جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی یونان گزارش کردند. نسبت تنوع فنوتیپی بین جمعیت‌ها به نحوه گرده‌افشانی بستگی دارد. در گونه‌های خود گرده‌افشان اغلب، بین جمعیت‌ها از نظر تنوع ژنتیکی درون جمعیتی، تفاوت قابل توجهی وجود دارد (Schoen and Brown, 1991).

تجزیه واریانس شاخص تنوع (Hs) به منظور آزمون میزان تنوع برای صفات و جمعیت‌ها انجام شد و نتایج آن به‌ترتیب در جدول‌های (۳ و ۴) ارائه شد.

Table 1. Means and standard errors (SE) of fruit yield and some morphological traits of 8 tomato local populations of Kalaybar region based on 36 plants

Traits	P_1	P_2	P_3	P_4	P_5	P_6	P_7	P_8
Fruit yield	4.59 ± 0.18	3.82 ± 0.18	4.08 ±.0.19	4.83 ± 0.18	3.37 ± 0.16	4.21 ± 0.16	3.25 ± 0.22	3.48 ± 0.17
Number of fruit per plant	18.5 ± 0.48	16.2 ± 0.54	17.6 ± 0.71	18.4 ± 0.68	15.8 ± 0.76	15.6 ± 0.82	15.4 ± 0.87	14.9 ± 0.74
Mean of fruit weight per plant	159 ± 9.16	210 ± 11.0	156 ± 7.96	188 ± 9.17	218 ± 5.00	240 ± 6.53	195 ± 7.70	226 ± 9.42
Number of node on stem	18.8 ± 0.75	19.2 ± 0.85	20.2 ± 0.98	20.7 ± 0.78	17.0 ± 0.82	18.0 ± 0.93	16.6 ± 0.78	16.7 ± 0.77
Number of floret	72.2 ± 2.34	72.1 ± 2.59	75.0 ± 3.62	83.5 ± 2.97	64.2 ± 2.43	66.3 ± 2.35	56.0 ± 2.68	60.0 ± 3.39
Number of days to flowering	90.6 ± 0.42	87.1 ± 0.44	87.6 ± 0.42	90.1 ± 0.38	85.8 ± 0.48	85.4 ± 0.44	87.8 ± 0.44	86.2 ± 0.45
Number of days to fruit production	124 ± 0.74	120 ± 0.87	121 ± 0.84	125 ± 1.12	119 ± 1.11	117 ± 1.18	120 ± 0.94	119 ± 0.85

P_1: Motaleg; P_2: Rostamkandi; P_3: Alisharloo; P_4: Sheykhlan Olya; P_5: Sheykhlan Sofla; P_6: Kalantar; P_7: Gharavanloo; P_8: Ghanloosirak

Table 2. Values of phenotypic diversity for each trait in each population (*Hs*), total phenotypic diversity (H_T), the proportion of phenotypic diversity among populations (G_{ST}), the mean phenotypic diversity for each trait ($\bar{H}_S$) and Mean phenotypic diversity for each population ($\bar{H}p$)

Traits	Phenotypic variation (*Hs*)								$\bar{H}_S$	H_T	G_{ST}
	P_1	P_2	P_3	P_4	P_5	P_6	P_7	P_8			
Fruit yield	0.49	0.46	0.40	0.41	0.42	0.42	0.51	0.48	0.45	0.50	0.10
Number of fruit per plant	0.45	0.56	0.54	0.43	0.49	0.49	0.39	0.38	0.47	0.49	0.04
Mean of fruit weight per plant	0.43	0.38	0.38	0.42	0.50	0.40	0.51	0.49	0.44	0.52	0.15
Number of node on stem	0.49	0.45	0.49	0.41	0.54	0.54	0.50	0.51	0.49	0.53	0.07
Number of floret	0.54	0.42	0.43	0.38	0.45	0.51	0.45	0.48	0.46	0.49	0.06
Number of days to flowering	0.42	0.42	0.40	0.44	0.40	0.43	0.44	0.42	0.42	0.48	0.12
Number of days to fruit production	0.40	0.44	0.54	0.54	0.41	0.30	0.30	0.30	0.40	0.46	0.13
Mean	-	-	-	-	-	-	-	-	0.45	0.50	0.10
$\bar{H}p$	0.46	0.45	0.45	0.43	0.46	0.44	0.44	0.44			

P_1: Motaleg; P_2: Rostamkandi; P_3: Alisharloo; P_4: Sheykhlan Olya; P_5: Sheykhlan Sofla; P_6: Kalantar; P_7: Gharavanloo; P_8: Ghanloosirak

Table 3. Mean square of phenotypic diversity (*Hs*) for each trait

S.O.V.	df	*Hs*	P-Value
Population	6	0.0067	0.087
Error	49	0.0034	

Table 4. Mean square of phenotypic diversity (*Hs*) for each population

S.O.V.	df	*Hs*	P-Value
Population	7	0.0007	0.99
Error	48	0.0042	

میانگین شاخص تنوع برای هر صفت ($\bar{H}s$)، از ۰/۴۰ تا ۰/۴۹ متغیر بود. تجزیه واریانس داده‌های شاخص تنوع (*Hs*)، با در نظر گرفتن جمعیت‌ها به عنوان تکرار، اختلاف معنی‌داری بین صفات از نظر میزان تنوع نشان نداد. ترزوپولس و ببلی (Terzopoulos and Bebeli, 2010) غیریکنواختی درون ۳۴ جمعیت محلی گوجه‌فرنگی یونان را عمدتاً به صفات مرتبط با میوه گزارش کردند. در منطقه کلیبر، کشاورزان معمولاً گوجه‌فرنگی‌های محلی را برای مصرف خودشان در مزارع کوچک کشت می‌کنند و بذر سال بعد را از همین مزارع فراهم می‌آورند. به نظر می‌رسد دلیل پایین بودن میانگین تنوع فنوتیپی صفات مرتبط با میوه، گزینش برای صفات میوه، به ویژه برای صفت میانگین وزن میوه در بوته طی سال‌های متمادی گذشته باشد.

میانگین شاخص تنوع برای هر جمعیت ($\bar{H}p$)، از ۰/۴۳ تا ۰/۴۶ متغیر بود. با وجود این که مقدار آن برای تمام جمعیت‌ها نسبتاً بالا بود، تجزیه واریانس داده‌های شاخص تنوع (*Hs*)، با در نظر گرفتن صفات به عنوان تکرار، اختلاف معنی‌داری بین جمعیت‌ها از نظر میزان تنوع نشان نداد. همان طوری که قبلاً نیز بیان شد نزدیکی جغرافیایی محل‌های جمع‌آوری بذر و تبادل بذر یا نشاء بین کشاورزان می‌تواند دلیل عدم تفاوت معنی‌دار بین جمعیت‌ها باشد.

نتایج نشان داد که تنوع فنوتیپی نسبتاً وسیعی در درون جمعیت‌های محلی گوجه‌فرنگی منطقه کلیبر برای صفات مورد مطالعه با وجود تغییرپذیری متفاوت در میان صفات وجود دارد و تنوع کمی در بین جمعیت‌ها توزیع شده است. با وجود این، از آن‌جایی که جمعیت شیخلان علیا، بیشترین مقدار صفات عملکرد (۴/۸۳)، تعداد گره در ساقه (۲۰/۷)، تعداد گلچه (۸۳/۵) را داشت و از لحاظ تعداد میوه در بوته (۱۸/۴۰) در رتبه دوم بود و از لحاظ شاخص‌های تنوع نی برای صفات عملکرد میوه (۰/۴۱)، تعداد میوه (۰/۴۳) و میانگین وزن میوه در بوته (۰/۴۲) در حد واسط و تعداد روز تا گلدهی (۰/۴۴) و تعداد روز تا میوه دهی (۰/۵۴)، بالای میانگین قرار داشت، نتیجه گرفته شد که می‌تواند به‌عنوان یک منبع ژنتیکی متنوع جهت ارزیابی بیشتر به‌منظور گزینش لاین‌های خالص مطلوب مورد استفاده قرار گیرد.

نتیجه‌گیری

بر مبنای شاخص تنوع کل (H_T) و شاخص تنوع برای هر صفت در هر جمعیت (*Hs*)، تنوع فنوتیپی نسبتاً وسیعی در جمعیت‌های مورد مطالعه از لحاظ صفات اندازه‌گیری‌شده، وجود داشت. پایین بودن نسبت تنوع فنوتیپی (G_{ST}) برای صفات مورد مطالعه، نشان داد که بیشتر تنوع فنوتیپی در درون جمعیت‌ها قرار داشت و تنوع کمی در بین جمعیت‌ها بود. پایین بودن تنوع بین جمعیتی در این مطالعه، می‌تواند ناشی از تبادل مواد گیاهی (بذر یا نشاء) بین کشاورزان و یا نزدیکی جغرافیایی محل‌های جمع‌آوری بذر (روستاها) باشد. شاخص تنوع برای هر صفت در هر جمعیت (*Hs*)، نشان داد، صفاتی که بیشترین سهم را در غیر یکنواختی جمعیت‌ها داشتند از جمعیتی به جمعیت دیگر متفاوت بود. با این وجود، بر مبنای میانگین صفات مورد مطالعه و شاخص‌های تنوع، جمعیت شیخلان علیا، می‌تواند به‌عنوان یک منبع ژنتیکی متنوع، به‌منظور گزینش لاین‌های خالص مطلوب مورد استفاده قرار گیرد.

سپاس‌گزاری

بدین وسیله از حمایت مالی دانشگاه ارومیه و همکاری اداره جهاد کشاورزی شهرستان کلیبر در انجام این تحقیق کمال تشکر و تقدیر را دارم.

References

Al-Aysh, F., Kutma, H. and Al-Zouabi, A. (2012). Genetic variation, heritability and interrelationships of some important characteristics in Syrian tomato landraces (Solanum lycopersicum L.). *Academic Arena, 4*(10), 1-5.

Bai, Y. and Lindhout, P. (2007). Domestication and breeding of tomatoes: What have we gained and what can we gain in the future. *Annals of Botany, 100*(5), 1085-1094.

Basset, M. J. (1986*). Breeding vegetable crops*. Dordrecht, Netherlands: Kluwer Academic Publishers Group.

Bauchet, G. and Causse, M. (2012). Genetic diversity in tomato *(Solanum lycopersicum*) and its wild relatives. In M. Caliskan, (Ed.), *Genetic diversity in plants* (pp. 133-162). Croatia: Intech.

Brugarolas, M., Martınez-Carrasco, L., Martınez-Poveda, A. and Ruiz, J. J. (2009). A competitive strategy for vegetable products: traditional varieties of tomato in the local market. *Spanish Journal of Agriculture Research, 7*(2), 294-304.

Carelli, B. P., Gerald, L. T. S., Grazziotin, F. G. and Echeverrigaray, S. (2006). Genetic diversity among Brazilian cultivars and landraces of tomato (*Lycopersicon esculentum Mill*.) revealed by RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution, 53*(2), 385-400.

Causse, M., Friguet, C., Coiret, C., Lepicier, M., Navez, B., Lee, M., Holthuysen, N., Sinesio, F., Moneta, E. and Grandillo, S. (2010). Consumer preferences for fresh tomato at the European scale: a common segmentation on taste and firmness. *Journal of Food Scence, 75*(9), 531-541.

Corrado, G., Caramante, M., Piffanelli, P. and Rao, R. (2014). Genetic diversity in Italian tomato landraces: Implications for the development of a core collection. *Scientia Horticulturae, 168*, 138-144.

Dastranji, N., Shojaeiyan, A., Falahati-Anbaran, M., Rashidi-Monfared, S. and Nikzad-Gharehaghaji, A. (2017). Assessment of genetic diversity of some of iranian snake melon (*Cucumis melo* var. flexuosus) accessions using morphological markers. *Plant Productions, 39*(3), 15-26. [In Farsi]

Garcia-Martinez, S., Andreani, L., Garcia-Gusano, M., Geuna, F. and Ruiz, J. J. (2006). Evaluation of amplified fragment length polymorphism and simple sequence repeats for tomato germplasm fingerprinting: utility for grouping closely related traditional cultivars. *Genome, 49*(6), 648-656.

Hajiali, A., Darvishzadeh, R., Zahedi, B. and Abbaskohpayegani, J. (2017). Exploring genetic diversity of some iranian watermelon (*Citrullus vulgaris*) accessions in urmia climatic conditions. *Plant Productions, 40*(1), 29-40. [In Farsi]

Hamrick, J. L. and Godt, M. J. W. (1997). Allozyme diversity in cultivated crops. *Crop Science, 37*(1), 26-30.

Henareh, M., Dursun, A. and Abdoullahi Mandoulakani, B. (2015). Genetic diversity in tomato landraces collected from Turkey and Iran revealed by morphological characters. *Acta Scientiarum Polonorum Hortorum Cultus, 14*(2), 87-96.

IPGRI, (1996). *Descriptors for tomato (Lycopersicon spp).* International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Rome, Italy.

Kumar, T. J., Kumar, T.A. and Mehta, N. (2013). Selection strategies for fruit yield in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *Vegetable Science, 40*(1), 23-27.

Lazaridi, E., Ntatsi, G., Fernandez, J. A., Karapanos, I., Carnide, V., Savvas, D. and Bebeli, P. J. (2017). Phenotypic diversity and evaluation of fresh pods of cowpea landraces from Southern Europe. *Journal of the Science of Food and Agriculture, 97*(13), 4326-4333.

Mazzucato, A., Papa, R., Bitocchi, E., Mosconi, P., Nanni, L., Negri, V., Picarella, M. E., Siligato, F., Soressi, G.P., Tiranti, B. and Veronesi, F. (2008). Genetic diversity, structure and marker-trait associations in a collection of Italian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. *Theoretical and Applied Genetics, 116*(5), 657-669.

Rothe, G. M. (1994). *Electrophoresis of enzymes: Laboratory methods*. Berlin, New York, Springer-Verlage.

Sacco, A., Ruggieri, V., Parisi, M., Festa, G., Rigano, M. M., Picarella, M. E., Mazzucato, A. and Barone, A. (2015). Exploring a tomato landraces collection for fruit-related traits by the aid of a high-throughput genomic platform. *PLoS ONE 10*(9), e0137139.

Schoen, D. J. and Brown, A. H. D. (1991). Intraspecific variation in population gene diversity and effective population size correlates with the mating system in plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 88*(10), 4494-4497.

Tagliotti, M. E., Deperi, S. I., Bedogni, M. C., Zhang, R., Manrique Carpintero, N. C., Joseph Coombs, J., Douches, D. and Huarte, M. A. (2018). Use of easy measurable phenotypic traits as a complementary approach to evaluate the population structure and diversity in a high heterozygous panel of tetraploid clones and cultivars. *BMC Genetics, 19*(8), 1-12.

Terzopoulos, P. J. and Bebeli, P. J. (2008). DNA and morphological diversity of selected Greek tomato (*Solanum lycopersicum L.*) landraces. *Scientia Horticulturae, 116*(4), 354-361.

Terzopoulos, P. J., Kaltsikes, P. J. and Bebeli, P. J. (2008). Determining the sources of heterogeneity in Greek faba bean local populations. *Field Crop Research, 105*(1), 124-130.

Terzopoulos, P. J. and Bebeli, P. J. (2010). Phenotypic diversity Greek tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. *Scientia Horticulturae, 126*(2), 138-144.

Terzopoulos, P. J., Walters, S. A. and Bebeli, P. J. (2009). Evaluation of Greek tomato landrace populations for heterogeneity of horticultural traits. *European Journal of Horticultural Science, 74*(1), 24-29.