مجله علوم و فنون باغبانی ایران جلد ۱۹ شماره ۲ صفحه‌های ۲۲۷ تا ۲۴۸ (۱۳۹۷)

ارزیابی تنوع ریخت‌شناسی و ژنتیکی برخی نژادگان‌های هلو در ایران[1]

Evaluation of Morphological and Genetic Diversity of Some Peach Genotypes in Iran

رحیم عبدالهی، جعفر حاجی‌لو*، مهرشاد زین العابدینی، ناصر مهنا و محمدرضا غفاری[2]

چکیده

در پژوهش حاضر روابط ژنتیکی بین ۲۴ نژادگان از انواع هلوهای زودرس، میان‌رس و دیررس به کمک نشانگرهای ریخت‌شناسی و ریزماهواره مورد ارزیابی قرار گرفتند. نژادگان‌های مختلف بر اساس تفاوت در زمان رسیدن میوه انتخاب و بر اساس توصیف‌نامه بانک ژن جهانی برای هلو و شلیل، مورد بررسی قرار گرفتند. تنوع در ویژگی‌های پدیدگانی (فنوتیپی) در بیشتر ویژگی‌های بررسی شده، مشاهده گردید. در بین نژادگان‌های زودرس هلو، بافت گوشت با نام آهسته‌رس گزارش شد. نتیجه‌های تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که ۴ عامل اول دارای مقادیر ویژه بیشتر از یک بوده و در جمع ۸۶/۷۴٪ از تغییرهای کل را در بین ۲۴ نژادگان توجیه نمودند. نتیجه‌های گروه‌بندی با واکاوی خوشه‌ای به روش Ward با اســتفاده از ویژگی‌های ریخت‌شناسی، نژادگان‌ها را به سه گروه اصلی تقسیم‌بندی کرد. همه مکان‌های ژنی SSR مورد استفاده الگوی نواری چند شکل در بین نژادگان‌ها تولید کردند. در کل ۱۱۲ آلل با میانگین ۵/۶ آلل در هر مکان ژنی تولید شد. تعداد آلل‌ها (Na) از سه برای مکان ژنی BPPCT036 تا ۱۰ برای مکان ژنی UDP98-406 متغیر بود. تعداد آلل موثر (Ne)، دامنه‌ای از ۲/۰۸ در BPPCT036 تا ۶/۰۶ در UDP98-414 با میانگین ۳/۵۷ در هر مکان ژنی بود. هتروزیگوسیتی مورد انتظار دامنه‌ای از ۰/۵۳ برای مکان ژنی BPPCT036 تا ۰/۸۵ برای مکان ژنی UDP98-414 با میانگین ۰/۷۰ در هر مکان ژنی داشت. تجزیه خوشه‌ای نژادگان‌ها را به چهار زیر گروه تقسیم‌بندی کرد. هلو کوتری به‌تنهایی در یک زیر گروه قرار گرفت. از ۷ نژادگان دیررس، ۴ نژادگان در یک زیر گروه قرار گرفتند.

واژه های کلیدی: هلو زودرس، تنوع ریخت‌شناسی، ریزماهواره.

مقدمه

هلو (*Prunus persica* L.) از محصولات مهم باغی در دنیا می‌باشند که به لحاظ ارزش تجاری در بین تیره وردسانان[3] در رتبه سوم بعد از سیب و گلابی قرار دارد (۳۰، ۳۳). در سال‌های پیشین، تولید هلو در نتیجه معرفی رقم‌های به‌نژادی شده همراه با شیوه‌های مدیریتی دو برابر شده است. تولید جهانی از مقدار ۱۱/۴ میلیون تن در سال ۱۹۹۵ به بیشتر از ۲۲/۸ میلیون تن در سال ۲۰۱۴ رسیده است. بزرگترین تولیدکنندگان هلو در جهان

۱- تاریخ دریافت: ۹۷/۱/۱۳ تاریخ پذیرش: ۹۷/۷/۷

۲- به‌ترتیب دانشجوی دکتری و استاد بخش علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، استادیار، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، دانشیار بخش اصلاح نباتات باغی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز و استادیار، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

* نویسنده مسئول، پست الکترونیک: (j_hajilou@tabrizu.ac.ir).

۳- Rosaceae

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

به‌ترتیب چین، اسپانیا، ایتالیا، ایالات متحده آمریکا، ایران و مصر می‌باشند (۱۲). بر اساس آمار فائو (۱۲) تولید ایران از ۵۱۲۶۰۸ تن در سال ۲۰۱۰ به ۸۶۳۹۲۲ تن در سال ۲۰۱۶ رسیده است. با توجه به آمار سال ۱۳۹۵ استان‌های فارس، البرز، مازندران، گلستان، همدان، مرکزی، آذربایجان‌غربی، اردبیل، چهار محال و بختیاری، قزوین، آذربایجان‌شرقی از لحاظ تولید محصول هلو و شلیل به‌ترتیب در جایگاه اول تا دهم قرار گرفته‌اند (۲۱).

هلو و شلیل هر دو، گونه‌ای دوگان با تعداد کروموزوم پایه X=8 و 2n=16 می‌باشند که در بین درختان میوه معتدله برنامه‌های به‌نژادی هلو و شلیل بیشتر مورد توجه بوده و تاکنون رقم‌های زیادی در سطح دنیا تولید شده‌اند. در سرتاسر جهان ۸۴۲ رقم هلو و شلیل از سال‌های ۱۹۸۰ تا ۱۹۹۲ و ۱۱۲۶ رقم از سال ۱۹۹۱ تا ۲۰۰۱ به‌نژادی و معرفی شده است. کشور آمریکا در این زمینه پیشگام بوده و بیش از نصف این رقم‌ها در این کشور تولید شده است. در آسیا، کشورهای چین، ژاپن و جمهوری کره در زمینه برنامه به‌نژادی هلو فعالیت دارند (۱۶). بر اساس گزارش‌های منتشر شده، منشا هلو چین بوده و از راه ایران به اروپا منتقل و سپس از طریق بازرگانان اروپایی به آمریکا گسترش پیدا کرده است. در دهه ۱۸۵۰ هلوی چینی، Chinese Cling، به آمریکا وارد شد و دانهال‌های حاصل از این رقم مانند البرتا و جی اچ هیل به‌عنوان والد عمده رقم‌های آمریکا محسوب می‌شوند. افزون بر این، برنامه‌های به‌نژادی اولیه در اروپا بر اساس رقم‌های به‌نژادی شده در آمریکا می‌باشند. رقم‌های چینی نقش مهمی را در برنامه به‌نژادی هلو در ژاپن ایفا می‌کنند و رقم‌های ژاپنی به‌عنوان والد در برنامه‌های به‌نژادی رقم‌های کره استفاده می‌شوند که نشان‌دهنده این می‌باشد که بیشتر رقم‌های هلو و شلیل منشا چینی دارند. با این وجود بیشتر به‌نژادگران در مناطق مختلف جهان رقم‌ها را بر اساس تقاضا و سازگاری منطقه انتخاب می‌کنند. برای مثال گزارش شده است که رقم‌های سفید با مقدار اسید پایین در آسیا، رقم‌های گوشت زرد اسیدی در شمال آمریکا و رقم‌های با گوشت سفت[۱] و زرد تا نارنجی در آمریکای لاتین متداول‌تر می‌باشند (۱۶). با توجه به تغییر اقلیم و گرمایش جهانی دستیابی به رقم‌های با دوره رسیدن کوتاه میوه و نیاز سرمایی کم یکی از اهداف برنامه‌های به‌نژادی هلو در جهان می‌باشد. طول دوره رسیدگی میوه در رقم‌های با نیاز سرمایی پایین از وراثت پذیری بالایی برخوردار بوده و به‌راحتی به‌وسیله انتخاب در بین نسل‌ها تغییر می‌کند (۱۷). ایجاد هم‌گروه‌هایی که ۷ تا ۱۰ روز در زمان رسیدن با هم‌گروه مادری اختلاف دارند به‌علت اثرگذاری ژن بزرگ اثر روی زمان رسیدن می‌باشد. در رقم‌های وحشی هلو دوره رسیدن میوه ۱۲۰ تا ۲۱۰ روز بعد از تمام گل بوده ولی در رقم‌های تجاری از ۵۵ تا ۲۷۰ روز بعد از تمام گل گزارش شده است (۱۳).

مبنای کار به‌نژادی موفق، بهره‌برداری از تنوع زیستی موجود در بین توده‌هاست. یکی از روش‌های بررسی تنوع زیستی، ارزیابی و مقایسه نژادگان‌ها با استفاده از ویژگی‌های ریخت‌شناسی است. روش ارزیابی و توصیف کمی ویژگی‌های ریخت‌شناسی مهم بر اساس توصیف‌نامه بانک ژن جهانی صورت می‌گیرد. به‌دلیل تاثیرپذیری ویژگی‌های ریخت‌شناسی از محیط استفاده از آن‌ها برای شناسایی دقیق توده‌ها و رقم‌ها به تنهایی کافی نبوده و استفاده از نشانگرهای مولکولی نیز لازم است. نشانگرهای ژنتیکی الگوها و سطوح تنوع ژنتیکی را که منعکس کننده روابط تکاملی می‌باشد، آشکار نموده و در نتیجه می‌تواند در شناسایی گروهی که دارای اصل و نسب مشترک می‌باشند، کمک کند (۵، ۱۰، ۱۹، ۲۸). از بین نشانگرهای متعدد مولکولی به نظر می‌رسد ریزماهواره‌ها (SSRs) به‌دلیل تنوع بالا، فراوانی، تکرارپذیری، توارث مندلی و وراثت هم بارز نشانگرهای مناسبی برای شناسائی رقم، ارزیابی تنوع در ژرم پلاسم، شناسایی اشتباه‌های مربوط به نامگذاری و تعیین روابط خویشاوندی بین آن‌ها می‌باشند (۴، ۱۱، ۱۹). نتیجه‌های بررسی Kwon و همکاران (۱۶) از ۲۲ ویژگی پدیدگانی در ۱۲۰ رقم هلو و شلیل از کشورهای مختلف، بر اساس ویژگی‌های فنولوژیکی، نشان دادند که رقم‌های غربی نسبت به رقم‌های شرقی گلدهی زودتری داشتند ولی در زمان رسیدن اختلافی وجود نداشت و نیز شکل میوه رقم‌های

۱- Non-melting

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

شرقی نزدیک به پهن بود. مجموعه‌ای از ۲۱۲ رقم هلو و شلیل با ۱۶ نشانگر SSR توسط Aranzana و همکاران (۲) بررسی شد و نتیجه‌های تنوع گسترده‌ای را پوشش دادند و ۸۷٪ رقم‌های مورد بررسی را توانستند تفکیک نمایند. در پژوهشی، Yoon و همکاران (۳۱) نیز روابط ژنتیکی بین ۹۶ رقم و نژادگان هلو و شلیل مناطق مختلف چین، ژاپن، شمال آمریکا و کره جنوبی را با ۳۳ نشانگر SSR مورد ارزیابی قراردادند و رقم‌های مورد بررسی را بر اساس مناطق در شش گروه طبقه بندی نمودند.

استان آذربایجان‌شرقی (به‌ویژه در مناطق غربی) دارای تنوع بالایی از انواع هلو می‌باشد. ویژگی‌هایی مانند فصل برداشت طولانی از تیر تا آبان و کیفیت گوشت بسیار بالا را می‌توان در این جمعیت مشاهده نمود. شناخت و ارزیابی ویژگی‌های مختلف این هلوها از نظر برنامه‌های به‌نژادی در آینده و حفظ ذخایر ژنتیکی (ژرم‌پلاسم) بسیار با اهمیت است (۱۱). حفظ و نگهداری تنوع زیستی موجود برای استفاده آتی جهت افزایش تولید و نیز بهبود ویژگی‌های کیفی باید مورد توجه قرار گیرد. شناسایی و حفاظت از تنوع ژنتیکی امکان ایجاد گونه‌هایی با توانایی انطباق با تنش و یا تغییر شرایط مانند سرمازدگی بهاره، آفت‌ها، بیماری و یا خشکسالی را فراهم می‌کند. تاکنون بررسی جامع روی ویژگی‌های میوه‌شناختی و ژنتیکی این مجموعه از رقم‌های هلو انجام نگرفته است. بنابراین پژوهش‌ها در این راستا ضروری به‌نظر می‌رسد. انجام چنین پژوهش‌هایی می‌تواند دانش پایه‌ای در مورد رقم‌های هلو ایرانی را بهبود بخشیده و در آینده راه‌گشا و راهنما برای برنامه‌های به‌نژادی هلو در کشور باشد. بنابراین به منظور بررسی روابط بین مجموعه‌ای از نژادگان‌های زودرس، میان‌رس و دیرس هلو از نشانگرهای ریخت‌شناسی و ریزماهواره‌ها (SSR) استفاده شد.

مواد و روش‌ها

ماده‌های گیاهی

اقلیم منطقه مورد بررسی بر اساس روش کوپن سرد خشک می‌باشد. میانگین دمای سالیانه ۱۴/۶ درجه سلسیوس، مجموع بارندگی سالیانه منطقه در حدود ۲۵۸ میلی‌متر و میانگین رطوبت سالیانه ۴۷٪ بود (۲۳). در باغ‌های تجاری شندآباد، واقع در ۱۱ کیلومتری شهر شبستر از توابع استان آذربایجان‌شرقی، در دو سال پی‌درپی ۱۳۹۲ و ۱۳۹۳ برخی نژادگان‌های زودرس، میان‌رس و دیررس هلو براساس تفاوت‌های تک درخت شناسایی و پلاک‌کوبی شدند و در مراحل مختلف فنولوژیکی بررسی ریخت‌شناسی رقم‌ها و نژادگان‌ها با استفاده از شیوه‌نامه اتحادیه بین‌المللی حمایت از رقم‌های گیاهی (UPOV)، در مراحل مختلف رشد از مرحله باز شدن جوانه تا مرحله خواب با اندازه‌گیری ۱۰ نمونه و میانگین‌گیری از آن‌ها انجام شد (جدول ۱). هم‌چنین به منظور بررسی ژنتیکی از هر نژادگان حدود ۱۵ برگ از دور تا دور درخت جمع آوری شد. نمونه‌ها پس از جمع‌آوری بی‌درنگ به نیتروژن مایع (۱۹۶°C−) انتقال یافته و سپس به پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی کرج منتقل شدند. نمونه‌ها تا زمان استخراج DNA در فریزر ۸۰- نگهداری شدند.

۱- International union for the protection of new varieties of plants

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

جدول۱- نام و ویژگی‌های ظاهری میوه نژادگان‌های ازریابی شده.

Table 1. Name and fruit characteristics of the studied genotypes.

ردیف Row	نام محلی Local Name	کد Code	تیپ گل Flower type	طول گوشواره Petiole length	حاشیه برگ Leaf margin	رنگ پهنک برگ Leaf blade color	شکل غده نوش Shape of nectaries	شکل میوه Fruit shape	شکل انتهای مادگی Shape of pistil end	رنگ زمینه پوست میوه Ground color of skin	گسترش نسبی رنگ رو پوست Relative area of over color of skin	رنگ رو پوست Hue of over color of skin	الگوی رنگ رو پوست Pattern of over color of skin	کرک پوست Pubescence of skin	رنگ گوشت Flesh color	شکل هسته Stone shape	شکل فرو رفتگی های سطح هسته Relief of stone surface	چسبندگی هسته به گوشت Stone adherence to flesh
1	انجیری دیررس زعفرانی Anjiri Zaferani Dirras	R1	2	5	2	3	2	1	5	11	7	6	1	9	6	1	4	9
2	گجرگانات۱ Gajerganat1	R2	1	5	1	3	2	3	4	9	7	6	4	9	6	3	3	9
3	انجیری زعفرانی پلنگی Anjiri Zaferani Palangi	R3	2	5	2	3	2	1	5	11	7	5	4	9	6	1	5	9
4	هلوی موزی Mozi	R4	2	5	1	3	2	5	1	2	9	6	1	9	1	3	4	1
5	انجیری زعفرانی خلیلی Anjiri Zaferani Khalili	R5	2	5	1	3	2	1	5	11	5	6	4	9	6	1	5	9
6	هلو کاظمی Kazemi	R11	1	5	1	3	2	5	4	3	5	6	1	9	3	3	3	1
7	جوادی دیررس Javadi Dirras	R13	1	5	1	3	2	3	4	5	7	6	1	9	3	3	3	1
8	انجیری مالکی Anjiri Maleki	R14	2	5	1	3	2	1	5	3	3	6	1	9	3	1	4	9
9	انجیری میانرس زعفرانی Anjiri Zaferani Mianras	R15	1	5	1	3	2	1	5	9	7	6	4	9	6	1	4	9
10	هلو حامدی Hamedi	R17	1	5	1	3	2	3	4	9	7	6	1	9	3	3	3	1
11	جوادی میانرس Javadi mianras	R19	1	5	1	3	2	2	3	3	5	6	3	9	3	3	4	1
12	حاجی علی اکبری Haji Ali	R20	2	5	1	3	2	4	4	3	7	6	1	9	1	3	3	1
13	آلبرتا زعفرانی Alberta	R24	1	5	1	3	2	3	2	9	3	3	3	9	5	3	3	1
14	هلو (بی نام) Unknown	R25	2	5	1	3	2	5	2	3	3	6	1	9	1	3	4	1
15	انجیری موری Anjiri Mori	R30	2	5	1	3	2	1	5	3	7	6	4	9	3	1	5	9
16	هلو تابستانه Tabestabe	R31	1	7	1	3	1	4	2	3	5	6	3	9	3	3	5	9
17	بی‌نام Unknown	R34	2	5	1	3	2	4	1	3	5	6	1	9	1	3	4	9
18	گجرگانات۲ Gajerganat2	R35	1	5	1	3	2	4	4	9	7	6	3	9	6	3	3	9

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

19	انجیری تابستانی Anjiri Tabestani	R36	2	5	1	2	2	1	5	2	5	6	1	9	1	1	4	9
20	هلو پلاستیکی زودرس Rubbery Peach	R39	2	5	1	3	2	3	4	3	3	3	2	9	1	4	3	9
21	هلو کوثری Kosari	R42	1	5	1	3	2	5	4	2	5	6	1	9	1	3	3	1
22	زعفرانی تابستانه Zaferani Tabestane	R44	2	5	1	2	1	4	2	9	5	6	3	9	5	4	3	9
23	زودرس مغان Zoodras Mogan	R45	2	5	1	3	2	3	3	3	5	6	3	9	3	3	3	1
24	زعفرانی زودرس Zaferani Zoodras	R46	2	5	1	3	2	3	4	9	7	7	3	9	5	3	4	9

تیپ گل: تیپ استکانی (نان شوی) ۱، تیپ رزی(شوی) ۲؛ **طول گوشواره**: کوتاه ۳، میانگین ۵، بلند ۷؛ **حاشیه پهنک برگ**: دندان موشی ۱، اره ای کم عمق ۲، اره ای عمیق ۳؛ **رنگ پهنک برگ**: زرد مایل به سبز ۱، سبز روشن ۲، سبز ۳، سبز تیره ۴، قرمز مایل به ارغوانی ۵؛ **شکل غده نوش (نوشجای)دمبرگ**: گرد ۱، کلیه مانند ۲؛ **شکل میوه از نظر شکمی**: بیضی خوابیده پهن ۱، بیضی خوابیده ۲، گرد ۳، بیضی پهن ۴، بیضی ۵؛ **شکل انتهای مادگی**: نوک دار ۱، کمی نوک دار ۲، صاف ۳، کمی فرو رفته ۴، فرو رفته ۵؛ **رنگ زمینه پوست میوه**: معلوم نیست ۱، سبز ۲، سبز مایل به کرم ۳، سفید مایل به سبز ۴، سفید مایل به کرم ۵، کرم ۶، سفید مایل به‌صورتی ۷، زرد مایل به سبز ۸، زرد مایل به کرم ۹، زرد ۱۰، زرد مایل به نارنجی ۱۱؛ **گسترش نسبی رنگ رو پوست میوه**: نبود یا خیلی کوچک ۱، کوچک ۳، میانگین ۵، بزرگ ۷، خیلی بزرگ ۹؛ **رنگ رو پوست میوه**: قرمز مایل به نارنجی ۱، صورتی ۲، قرمز مایل به‌صورتی ۳، قرمز روشن ۴، قرمز ۵، قرمز تیره ۶، قرمز مایل به سیاه ۷؛ **الگوی رنگ رو پوست میوه**: قرمز یکپارچه ۱، خالدار ۲، نواری ۳، مرمری ۴؛ **کرک پوست میوه**: ندارد ۱، دارد ۹؛ **رنگ زمینه گوشت میوه**: سفید مایل به سبز ۱، سفید ۲، سفید مایل به کرم ۳، زرد روشن ۴، زرد ۵، زرد مایل به نارنجی ۶، نارنجی ۷؛ **شکل هسته از منظر جانبی**: بیضی خوابیده ۱، گرد ۲، بیضی ۳، واژ تخم مرغی ۴؛ **شکل فرو رفتگی‌های سطح هسته**: تنها فرو رفتگی ۱، فرورفتگی غالب ۲، فرورفتگی و شیاری برابر ۳، فرورفتگی غالب ۴، تنها شیاری ۵؛ **چسبندگی هسته به گوشت میوه**: ندارد ۱، دارد ۹

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

تعیین ویژگی‌های کیفی میوه

سفتی بافت توسط سفتی‌سنج (پنترومتر) مدل FT 011 ساخت ایتالیا با پروب ۸ میلی‌متر برحسب نیوتن اندازه‌گیری شد. اندازه‌گیری سفتی در دو طرف میوه بعد از حذف پوست انجام گرفت. اندازه‌گیری ماده‌های جامد محلول کل عصاره میوه در دمای اتاق با استفاده از قندسنج دیجیتالی مدل (Atago Model PR-1، ساخت کشور ژاپن) بر اساس درجه بریکس خوانده شد. پی‌اچ آب میوه با دستگاه pHمتر دیجیتالی (مدل WTW Inolab pH-L1، ساخت کشور آلمان) کالیبره شده با بافرهای ۴ و ۷ اندازه‌گیری شد. از تعداد ۱۰ میوه، وزن (گرم) با ترازوی دیجیتالی با حساسیت ۰/۱، طول (cm) و قطر میوه (cm) با استفاده از کولیس اندازه‌گیری شد و میانگین آن‌ها در محاسبات به کار رفت. دوره رسیدگی میوه از زمان تمام گل تا برداشت میوه به‌صورت تعداد روز بعد از تمام گل محاسبه شد. میزان ویتامین C با روش تیتراسیون با محلول ۲-۶ دی کلروفنل ایندوفنل و اسیدیته قابل تیتراسیون به روش تیتراسیون توسط هیدروکسید سدیم ۰/۱ نرمال (۴ گرم در لیتر) تا pH= ۸/۲ محاسبه شدند (۱۴).

ارزیابی نژادگانی

برای استخراج DNA ژنومی، ابتدا برگ‌های جوان و سالم از هر نمونه گیاه با نیتروژن مایع کوبیده و سپس به وسیله کیت Core Bio ساخت کشور کره جنوبی (مطابق با راهنمای کیت) استخراج انجام شد. کیفیت DNA استخراج شده توسط الکتروفورز ژل آگارز و رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید مورد بررسی قرار گرفت. کمیت DNA استخراج شده با استفاده از دستگاه نانودراپ[۱] (Thermo scientific, NanoDrop 1000 spectrophotometer) مورد بررسی قرار گرفت. بیست نشانگر SSR نشان‌دار شده با ماده‌های فلورسنت IRD800 و IRD700 از بین ۶۰۰ نشانگر گزارش شده در پایگاه داده‌های ژنومی تیره وردسانان (GDR)[۲] انتخاب شد (جدول ۲). واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) در ترموسایکلر بیورد (BioRad Laboratories Inc., Hercules, CA, USA) در حجم ۱۵ میکرولیتری شامل ۱۰ نانوگرم DNA ژنومی، ۰/۸ میکرولیتر بافر PCR ده برابر، ۰/۶ میلی مول کلرید منیزیم، ۰/۸ میکرومول از هر dNTP، ۰/۶ میکرومول از هر آغازگر و ۰/۱۵ واحد آنزیم *Taq* DNA polymerase انجام گرفت. چرخه دمایی شامل واسرشته سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سلسیوس به مدت ۴ دقیقه، ۳۰ چرخه به‌صورت ۹۴ درجه سلسیوس به مدت ۴۵ ثانیه، ۴۵ ثانیه در دمای اتصال و ۷۲ درجه سلسیوس به مدت ۲ دقیقه، بسط نهایی در ۷۲ درجه سلسیوس به مدت ۷ دقیقه بود و سپس محصول آن‌ها روی ژل آکریل آمید ۶/۵٪ با دستگاه تجزیه‌کننده DNA (DNA Analyzer, LI-COR 4300, USA) دیده شد.

واکاوی آماری داده ها

بررسی ریخت‌شناسی ویژگی‌ها با استفاده از نرم افزار SPSS نسخه ۱۶ انجام گرفت. با توجه به نبود اختلاف داده‌های دو سال پی‌درپی، برای انجام مقایس‌ها از میانگین اعداد دو سال استفاده گردید و نتیجه‌ها با استفاده از آزمون LSD در سطح آماری ۵٪ با نرم افزار آماری SAS 9.1 واکاوی شد. به‌منظور تعیین ارتباط بین ویژگی‌ها، همبستگی ساده بین ویژگی‌ها محاسبه شد. تجزیه همبستگی با استفاده از روش پیرسون و تجزیه عامل‌ها با استفاده از روش چرخش وریماکس[۳] انجام شد. به‌منظور گروه‌بندی بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناسی تجزیه خوشه‌ای با روش Ward و در نظر گرفتن فاصله اقلیدسی بین نمونه‌ها انجام گرفت و دندروگرام مربوطه ترسیم شد. برای به‌دست آوردن انواع آلل‌ها از تصاویر اسکن شده استفاده شد. از آن‌جا که سایز باندی قطعات تکثیری امتیازدهی بر اساس طول باند و صفر و یک به‌صورت دستی انجام شد. تعداد آلل (Na) و تعداد آلل مؤثر (Ne)

۱- Nano drop ۲- Genome Database of Rosaceae ۳- Varimax rotation

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

جدول ۲- مشخصات ۲۰ مکان ژنی مورد استفاده در این پژوهش.

Table 2. Characteristics of 20 SSR primers used in this study.

نشانگر Primer	توالی Sequence	گروه لینکاژی LG	منشا Origin	دمای آنلینگ Annealing temperature	اندازه باند Size (bp)	منبع Reference
AMPA121F	TGGTGTGGTGTTTGTTTTGAAG	6	Peach	57	132-148	(9)
AMPA121R	ACCAACTCCATCCACATTTCTC					
aprigms18F	TCTGAGTTCAGTGGGTAGCA	1	Peach	58	210	(9)
aprigms18R	ACAGAATGTGCGTTGCTTTA					
BPPCT010F	AAAGCACAGCCCATAATGC	4	Peach	57	131	(27)
BPPCT010R	GTACTGTTACTGCTGGGAATGC					
BPPCT022F	TTGCGTCTCGCAGGTTATA	1	Peach	57	132	(27)
BPPCT022R	CTACCCCTGCCACAAGCT					
BPPCT024F	GAGGAATGTGCCTCTTCTGG	2	Peach	58	96	(27)
BPPCT024R	CTCCCGTACGCGTTTACC					
BPPCT036F	AAGCAAAGTCCATAAAAACGC	4	Peach	57	253	(27)
BPPCT036R	GGACGAAGACGCTCCATT					
CPPCT016F	AATTCCCTATGGAAATTAGA	1	Peach	50	191	(3)
CPPCT016R	CGCATATTATAGGTAGGAAA					
CPPCT017F	TGACATGCATGCACTAAACAA	7	Peach	60	177	(3)
CPPCT017R	TGCAAATGCAATTTCATAAAGG					
M1aF	CACGAGGCGCCATTTCTACG	2	Peach	55	80	(3)
M1aR	GTACGACGGGTTTTGGCTCA					
UDP96-018F	TTCTAATCTGGGCTATGGCG	1	Peach	58	232-271	(9)
UDP96-018R	GAAGTTCACATTTACGACAGGG					(27)
UDP96-019F	TTGGTCATGAGCTAAGAAAACA	8	Peach	58	211-222	(11)
UDP96-019R	TAGTGGCACAGAGCAACACC					(27)
UDP97-401F	TAAGAGGATCATTTTTGCCTTG	5	Peach	57	122-134	(27)
UDP97-401R	CCCTGGAGGACTGAGGGT					(11)
UDP97-402F	TCCCATAACCAAAAAAAACACC	4	Peach	58	134-146	
UDP97-402R	TGGAGAAGGGTGGGTACTTG					(11)
UDP98-025F	GGGAGGTTACTATGCCATGAAG	2	Peach	57	101-142	(9)
UDP98-025R	CGCAGACATGTAGTAGGACCTC					(9)
UDP98-406F	TCGGAAACTGGTAGTATGAACAGA	2	Peach	58	100-120	(9)
UDP98-406R	ATGGGTCGTATGCACAGT					
UDP98-408F	ACAGGCTTGTTGAGCATGTG	7	Peach	58	102-104	(9)
UDP98-408R	CCCTCGTGGGAAAATTTGA					
UDP98-409F	GCTGATGGGTTTTATGGTTTTC	8	Peach	57	129	(11)
UDP98-409R	CGGACTCTTATCCTCTATCAACA					(9)
UDP98-410F	AATTTACCTATCAGCCTCAAA	2	Peach	57	146	(11)
UDP98-410R	TTTATGCAGTTTACAGACCG					(9)
UDP98-412F	AGGGAAAGTTTCTGCTGCAC	6	Peach	57	124-132	(9)
UDP98-412R	GCTGAAGACGACGATGATGA					
UDP98-414F	AAAAGGCACGACGTTGAAGA	5	Peach	59	129-157	(9)
UDP98-414R	TTCAGATTGGGAATTTGCAG					

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

نشانگر SSR در زمان طراحی آغازگر پیش بینی شده بود، بر آن اساس باندهای ریزماهواره به کمک نوارهایی که از مارکر وزنی[1]نشاندار IRD800 و IRD700 به عنوان DNA شاهد به‌دست آمد، ارزیابی گردیدند و ($Ne=1/sum\ Pi^2$)، شاخص شانون ($I=1*sum\ (Pi*ln(pi))$)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار ($He=1-sum\ Pi^2$)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho=No. Het/N) با نرم افزار PopGene و GenAlEx 6.5، محتوای اطلاعاتی چند شکلی (PIC) با استفاده از فرمول $PIC=1-\sum Pi2$ (در همه فرمول ها Pi: فراوانی نوار i م و N: تعداد باند) با کمک نرم افزار Cervus 3.0.3 محاسبه و رسم دندرو گرام توسط نرم افزار NTSYS 2.02 صورت گردید.

نتایج

ارزیابی ریخت‌شناسی

تنوع در ویژگی‌های میوه‌شناختی در بیشتر ویژگی‌های بررسی شده مشاهده گردید. کمینه، بیشینه، میانگین ویژگی‌های اندازه‌گیری شده در جدول ۳ گزارش شده است. نتیجه‌های تجزیه واریانس ویژگی‌ها نشان داد که نژادگان روی ویژگی‌های اندازه‌گیری شده اختلاف معنی‌داری نشان داد ولی اثر سال فقط روی ماده‌های جامد محلول، اسیدیته و شاخص رسیدگی معنی‌داری بود. سفتی بافت میوه از ۲۰/۲۵ تا ۸۰/۵۷ نیوتن متغیر بود (جدول ۳). با توجه به نتیجه‌های جدول ۳ زمان رسیدن میوه دامنه‌ای از ۷۴ تا ۱۹۵ روز پس از تمام گل داشت. در این پژوهش رقم‌ها و نژادگان‌ها در سه گروه زودرس از ۷۴ تا ۱۱۰ روز بعد از تمام گل، میان‌رس از ۱۲۰ تا ۱۶۰ روز بعد از تمام گل و دیررس بیشتر از ۱۶۰ روز بعد از تمام گل قرار گرفتند (جدول ۴). ماده‌های جامد محلول دامنه‌ای از ۹/۷۸ تا ۱۴/۵۳ بریکس داشت. نژادگان‌های انجیری میانرس زعفرانی، انجیری زعفرانی پلنگی و انجیری دیررس زعفرانی به‌ترتیب با مقادیر ۱۴/۵۳، ۱۴/۵۰ و ۱۳/۸۳ بریکس بیشترین مقدار ماده‌های جامد محلول را داشتند (جدول ۴). مقدار ویتامین C در بین نژادگان‌ها از ۳ تا ۱۱ میلی‌گرم در ۱۰۰ گرم بافت تازه متغیر بود. انجیری موری از نژادگان‌های میان‌رس با دوره رسیدگی میوه ۱۵۸ روز بعد از تمام گل بیشترین مقدار ویتامین C با مقدار ۱۱ میلی‌گرم در ۱۰۰ گرم بافت تر و بیشترین اسیدیته کل با مقدار ۰/۷ میلی گرم در ۱۰۰ گرم اسید مالیک و نیز کمترین مقدار pH را داشت (جدول ۴).

وزن میوه از ۵۵/۲۴ گرم در نژادگان‌های زودرس تا ۳۱۱/۳۳ گرم در نژادگان‌های دیررس متغیر بود. در بین نژادگان‌های زودرس نژادگان‌های هلو پلاستیکی زودرس و زعفرانی زودرس بیشترین وزن میوه را داشتند. با توجه به این‌که در نژادگان‌های خیلی زودرس دوره توسعه میوه کوتاه می‌باشد، میوه فرصت کمتری برای رشد پیدا کرده و وزن میوه کمتر می‌شود ولی در نژادگان‌های دیررس دوره رشد میوه طولانی‌تر بوده و اندازه میوه درشت‌تر می‌باشد (۱۳). نسبت طول به قطر میوه بین ۰/۵۱ در نژادگان‌های پهن تا ۱/۰۶ متغیر بود (جدول ۳ و ۴). نسبت‌های کم نشان‌دهنده پهن بودن میوه و نسبت‌های زیاد نشان‌دهنده کشیده بودن میوه می‌باشد. شاخص رسیدگی معیاری از نسبت قند به اسید می‌باشد، از ۱۸/۰۱ در انجیری موری تا ۸۰/۸۵ در زودرس مغان متغیر بود. هم‌چنین ضرایب هبستگی پیرسون بین ویژگی‌ها در جدول ۵ نشان داده شده است. رسیدگی میوه همبستگی مثبت و معنی‌داری با مقدار ماده‌های جامد محلول ($r=0.71^{**}$)، ویتامین C ($r=0.34^{*}$)، اسیدیته ($r=0.32^{*}$)، وزن میوه ($r=0.304^{**}$)، قطر میوه ($r=0.45^{**}$) و شاخص رسیدگی ($r=0.305^{*}$) و نیز همبستگی منفی و معنی‌داری با سفتی بافت ($r=-0.7^{**}$) نشان داد. هم‌چنین همبستگی مثبت و معنی‌دار بین شاخص رسیدگی میوه با ماده‌های جامد محلول ($r=0.38^{*}$) و pH آب میوه ($r=0.87^{**}$) و همبستگی منفی و معنی‌دار با سفتی ($r=-0.48^{*}$)، اسیدیته ($r=-0.84^{**}$)، وزن میوه ($r=-0.32^{*}$) و نسبت طول به قطر میوه ($r=-0.39^{*}$) مشاهده گردید. هم‌چنین همبستگی منفی و معنی‌دار بین اسیدیته و pH ($r=-0.67^{**}$) مشاهده گردید.

۱- Ladder

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

جدول ۳- کمینه، بیشینه و میانگین ویژگی‌های اندازه‌گیری شده.

Table 3. Minimum, maximum and average value of measured traits.

Traits ویژگی‌ها	Minimum کمینه	Maximum بیشینه	Mean میانگین
سفتی Firmness (N)	20.25	80.57	52.51±7.04
ماده‌های جامد محلول TSS (Brix)	9.78	14.53	12.17±1.44
اسیدیته pH	3.57	5.02	4.02±0.38
ویتامین سی VC (mg^{-1} 100gr)	3	11.00	5.43±3.18
اسیدکل TA	0.14	0.7	0.37±0.14
وزن میوه Fruit weight (gr)	55.24	311.33	154.5±15.82
طول/قطر میوه Height/ Dimeter	0.5	1.06	0.84±0.2
قطر Dimeter (mm)	48.71	86.62	70.13±9.42
ارتفاع میوه Height (mm)	35.42	83.65	58.1±13.69
شاخص رسیدگی TSS/TA	18.01	80.85	39.46±16.31
زمان رسیدگی (روز بعد از تمام گل) Ripening time (DAFB)	74	195	142.62±3.21

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

جدول ۴- مقایسه‌های میانگین ویژگی‌های اندازه‌گیری شده.

Table 4. Means comparison of studied traits.

ردیف Row	نام محلی Local name	کد Code	سفتی Firmness	مادههای جامد محلول TSS	pH	ویتامین C Vitamin C	اسیدیته کل TA	وزن میوه Fruit Weight	نسبت طول به قطر میوه HD	شاخص رسیدگی TSS/TA	زمان رسیدگی Ripening time
1	انجیری دیررس زعفرانی Anjiri Zaferani Dirras	R1	44 h	13.83 ab	4.9 ab	4.67 cd	0.19 r	156.29 de	0.51 c	73.74 b	158 cd
2	گجرگانات۱ Gajerganat1	R2	58 e	9.97 de	3.73 cd	4 cd	0.38 hij	188.67 cd	0.95 ab	26.11 i	155 cd
3	انجیری زعفرانی پلنگی Anjiri Zaferani Palangi	R3	68.1 bc	14.53 a	4.65 b	9 b	0.21 q	145.68 ef	0.54 c	69.93 bc	169 c
4	هلوی موزی Mozi	R4	60 de	13.58 ab	3.9 c	4 cd	0.36 klm	293 ab	0.97 a	37.52 f	162 c
5	انجیری زعفرانی خلیلی Anjiri Zaferani Khalili	R5	65.5 d	12.32 bc	3.87 c	9.5 b	0.53 e	140.43 fg	0.54 c	23.27 j	175 bc
6	هلو کاظمی Kazemi	R11	28.25 l	13.23 ab	3.57 cd	6.5 c	0.56 cd	145.34 ef	1.03 a	23.51 j	149 de
7	جوادی دیررس Javadi Dirras	R13	66.67 cd	10.17 d	3.85 c	4 cd	0.54 de	201 bc	0.92 b	18.73 l	174 bc
8	انجیری مالکی Anjiri Maleki	R14	63.33 d	13.73 ab	4.03 bc	3 d	0.21 q	143.63 ef	0.54 c	64.03 c	129 f
9	انجیری میانرس زعفرانی Anjiri Zaferani Mianras	R15	24.13 m	14.5 a	4.63 b	5 cd	0.26 o	143.36 ef	0.53 c	55.49 d	151de
10	هلو حامدی Hamedi	R17	72.5 b	13.03 ab	3.7 cd	6 c	0.58 c	311.33 a	0.94 ab	22.36 j	158 cd
11	جوادی میانرس Javadi mianras	R19	20.25 n	12.88 bc	3.6 cd	6.5 c	0.62 b	159.36 de	0.92 b	20.67 k	144 e
12	حاجی علی اکبری Haji Ali	R20	58.75 e	12.27 bc	3.73cd	8 b	0.37 ijk	187.31 cd	0.94 ab	33.29 g	175 bc
13	آلبرتا زعفرانی Alberta	R24	49.57 ef	10.77 d	4.13 bc	5 cd	0.34 lm	138.03 fg	0.95 ab	31.51 h	110 fg
14	هلو (بی نام) Unknown	R25	67.5 c	11.83 c	4.23 b	6 c	0.37 ijk	171.49 cd	1.06 a	32.11 gh	187 ab
15	انجیری موری Anjiri Mori	R30	67.5 c	12.73 bc	3.7 cd	11a	0.7 a	116 g	0.55 c	18.1 l	158 cd
16	هلو تابستانه Tabestabe	R31	45.67 g	11.08 c	3.98 c	3 d	0.21 q	55.24 i	1.02 a	53.37 d	74 i
17	بی‌نام Unknown	R34	67.5 c	11.3 c	4.15 bc	5 cd	0.34 lm	148.31ef	1a	33.07 g	195 a

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

18	گجرگانات۲ Gajerganat2	R35	40.5 j	12.3 bc	3.8 c	6.33 c	0.36 klm	219.62 b	0.94 ab	34.64 g	144 e
19	انجیری تابستانی Anjiri Tabestani	R36	46.43 fg	13.85 ab	4.6 b	4.33 cd	0.19 r	98.48 h	0.51 c	71.28 bc	110 g
20	هلو پلاستیکی زودرس Rubbery Peach	R39	36.29 k	9.78 e	4.02 bc	3 d	0.23 p	112.61 g	0.97 a	41.68 e	97 g
21	هلو کوثری Kosari	R42	42.89 i	10.69 d	3.57 cd	4 cd	0.5 f	86.05 h	1.04 a	21.27 jk	109 g
22	زعفرانی تابستانه Zaferani Tabestane	R44	39 jk	10.49 d	3.8 c	5.5 c	0.49 f	161.1de	0.92	21.44 j	144 e
23	زودرس مغان Zoodras Mogan	R45	47.5 f	11.4 c	5.02 a	3 d	0.141 s	63.89 i	0.94 ab	80.85 a	93 h
24	زعفرانی زودرس Zaferani Zoodras	R46	80.57 a	11.27 c	3.74cd	4 cd	0.29 n	122.23 g	0.96 a	39.11 e	97g

Means within a column followed by the same letters are not significantly different at P<0.05 based on LSD test.

در هر ستون اعداد دارای حرف‌های مشترک در سطح ۵٪ آزمون LSD اختلاف معنی‌داری ندارند.

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

جدول ۵- ضرایب همبستگی پیرسون بین ویژگی‌های مورد بررسی.

Table 5. Pearson's correlation coefficients between pairs of studied traits.

	سفتی Firmness	مادههای جامد محلول TSS	pH	ویتامین C Vitamin C	اسیدیته TA	وزن میوه Fruit weight	طول/قطر H/D	قطر میوه Fruit diameter	طول میوه Fruit length	شاخص رسیدگی TSS/TA	زمان رسیدگی Ripening time
سفتی Firmness	1										
مادههای جامد محلول TSS	0.016	1									
pH	-0.26	0.172	1								
ویتامین C Vitamin C	-0.112	0.001	0.116	1							
اسیدیته TA	0.093	-0.009	-0.673**	0.28	1						
وزن میوه Fruit weight	0.031	0.236	-0.302*	-0.159	0.318*	1					
طول/قطر میوه Height/ Dimeter	-0.154	-.563**	-0.326*	-0.242	0.087	0.225	1				
قطر میوه Fruit diameter	0.085	.497**	-0.081	0.035	0.235	0.763**	-0.390**	1			
طول میوه Fruit length	-0.096	-0.294	-0.425**	-0.221	0.27	.716**	0.817**	0.203	1		
شاخص رسیدگی TSS/TA	-0. 48*	.381*	0.870**	-0.252	-.845**	-0.318*	-0.389**	-0.094	-.506**	1	
زمان رسیدگی Ripening time	-0. 7**	0.71**	0.012	0.345*	.320*	0.304*	-0.075	.455**	0.208	0.305*	1

** and * significant at p<0.05 and p<0.01 respectively.

** و * به‌ترتیب نشان دهنده معنی‌داری در سطح احتمال آماری ۱٪ و معنی‌داری در سطح احتمال آماری۵٪.

آنالیز تجزیه به عامل‌ها

تجزیه عامل‌ها روی ویژگی‌های مربوط به نژادگان‌های هلو در جدول ۶ نشان داده شده است. تجزیه عامل‌ها نشان داد که ۴ عامل اول دارای مقادیر ویژه بیشتر از یک بوده و در مجموع ۸۶/۷۵٪ از تغییرهای کل را در بین ۲۴ نژادگان توجیه نموده‌اند. در عامل اول ویژگی‌های مقدار ویتامین C، اسیدیته کل، وزن میوه، طول میوه و زمان رسیدن ضرایب بالایی را دارا بوده و ۳۶/۴۷٪ از واریانس کل را توجیه نمودند و زیر عنوان مولفه اول نامیده شده است. در عامل دوم مادههای جامد محلول، pH، قطر میوه و شاخص رسیدگی میوه دارای ضریب بالاتری بوده و ۲۸/۹۳٪ واریانس کل را شامل می‌شد و به عنوان مولفه دوم نامگذاری شد. عامل سوم ۱۳/۳۴٪ واریانس کل را توجیه نمود و دارای ویژگی‌های نسبت طول/قطر، با ضرایب بالاتری بود. عامل چهارم ۸/۰۴٪ واریانس کل را توجیه نمود و تنها دارای ویژگی سفتی با ضرایب بالاتری بود. با توجه به نتیجه‌های تجزیه به عامل‌ها، بیشترین تفاوت از لحاظ ویژگی‌های مقدار ویتامین C، اسیدیته کل، وزن میوه، طول میوه و زمان رسیدن بود که بیشترین

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

واریانس (۳۶/۴۷٪) را بین نژادگان‌ها ایجاد کرده است. تجزیه فاکتور توانست ویژگی‌ها را به چهار عامل اصلی کاهش دهد که در بین آن‌ها عامل اول و دوم بیشترین سهم را در توجیه واریانس داشتند.

جدول ۶- ضرایب عاملی ویژگی‌های اندازه‌گیری شده در بین نژادگان‌های هلو.

Table 6. Principal components (PC) of the evaluated trait on peach genotypes.

ویژگی‌ها Traits	ضرایب عاملی Principal components			
	1	2	3	4
سفتی Firmness	0.25	0.107	0.038	0.939
ماده‌های جامد محلول TSS	0.008	0.84	0.035	-0.242
pH	-0.632	0.535	0.353	0.074
ویتامین C Vitamin C	0.458	0.428	-0.617	0.09
اسیدیته TA	0.73	-0.184	-0.582	-0.142
وزن میوه Fruit Weight	0.83	0.166	0.443	-0.002
طول/قطر میوه Height/ Dimeter	0.255	-0.877	0.275	-0.022
قطر میوه Fruit diameter	0.651	0.674	0.138	-0.032
طول میوه Fruit length	0.729	-0.505	0.402	-0.042
شاخص رسیدگی TSS/TA	-0.76	0.471	0.402	0.047
زمان رسیدگی Ripening time	0.727	0.446	-0.006	0.165
مقادیر ویژه واریانس Total variance	4.738	3.76	1.734	1.045
درصد واریانس % of Variance	36.443	28.927	13.339	8.039
درصد تجمعی واریانس Cumulative Variance %	36.443	65.369	78.709	86.747

نتیجه‌های گروه‌بندی با استفاده از آنالیز خوشه‌ای به روش وارد، ویژگی‌های مورد بررسی نژادگان‌ها را با کاهش فاصله روی مقیاس کلاستر از ۲۵ به ۵، به سه گروه اصلی تقسیم‌بندی کرد (شـــکل ۱). گروه اول (A) شامل ۱۵ نمونه، گروه دوم (B) شامل ۲ نمونه، گروه سوم (C) شامل ۷ نمونه بودند که دارای بیشترین واریانس بین ویژگی‌ها بودند.

ارزیابی مولکولی

همه مکان‌های ژنی SSR مورد استفاده الگوی نواری چند شکل در بین نژادگان‌ها تولید کردند. در کل ۱۱۲ آلل با میانگین ۵/۶ آلل در هر مکان ژنی تولید شد. تعداد آلل‌ها (Na) از سه برای مکان‌های ژنی BPPCT036،

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

UDP98-408، CPPCT016، UDP98-410 و M1a تا ۱۰ برای مکان ژنی UDP98-406 متغیر بود. تعداد آلل موثر (Ne) دامنه‌ای از ۲/۰۸ در BPPCT036 و UDP98-410 تا ۶/۰۶ در UDP98-414 با میانگین ۳/۵۷ در هر مکان ژنی داشت. بیشینه بودن مقدار این آماره بیانگر فراوانی یکسان آلل‌های موجود در این جایگاه و کمینه بودن این آمار بیانگر فراوانی زیاد یک آلل و نادر بودن بقیه آلل‌ها در نمونه هاست. هتروزیگوسیتی مورد انتظار دامنه‌ای از ۰/۵۳ برای مکان ژنی BPPCT036 و UDP98-410 تا ۰/۸۵ برای مکان ژنی UDP98-414 با میانگین ۰/۷۰ در هر مکان ژنی داشت. هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho) دامنه‌ای از ۰/۰۳ در BPPCT036 و UDP98-410 تا ۰/۳۵ در UDP98-414 داشت.

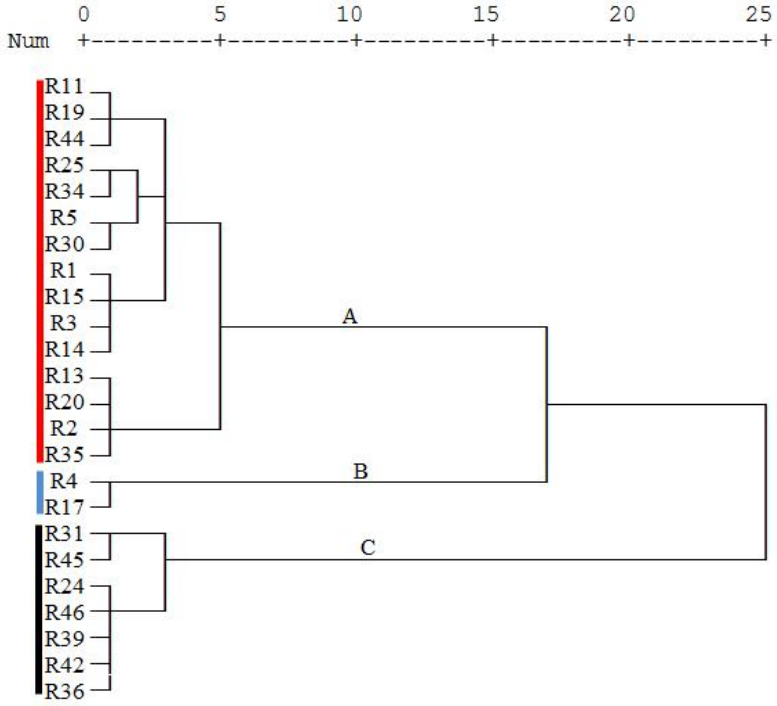

Fig. 1. Cluster analysis of peach genotypes based on morphological traits using Ward method. The name of each genotype correspond to its number in Table 1.

شکل ۱- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای نژادگان‌های هلو به روش وارد بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناسی (اسامی هر نژادگان متناسب با شماره آن در جدول ۱ آورده شده است).

میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho=۰/۲۱) کمتر از هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He=۰/۷۰) بود. میزان اطلاعات چند شکل (PIC) از ۰/۴۱ برای مکان‌های ژنی BPPCT036 و UDP98-410 تا ۰/۸۱ برای مکان ژنی UDP98-414 متغیر بود. میانگین اطلاعات چند شکل برای مکان‌های ژنی مورد بررسی ۰/۶۳ بود (جدول ۷). مکان‌های ژنی BPPCT024، aprigms18، UDP98-406 و UDP98-414 دارای بیشترین مقدار اطلاعات چند شکلی بوده و می‌توانند ابزار مناسبی برای تمایز نژادگان‌ها باشند. بالا بودن مقدار PIC در نشانگر بیانگر وجود تعداد آلل‌های زیاد و فراوانی زیاد چند شکلی برای این جایگاه است. شاخص شانون (I) از ۰/۷۸ در مکان ژنی BPPCT036 و UDP98-410 تا ۱/۹۷ در مکان ژنی UDP98-406 با میانگین ۱/۳۴ در هر مکان ژنی متغییر بود (جدول ۷).

تعیین رابطه ژنتیکی بین نژادگان‌ها با استفاده از ضریب تشابه دایس (Dice) و به روش گروه‌های وزنی جفت نشده (UPGMA) انجام شد. نتیجه‌های بررسی شباهت‌ها بر اساس ضریب دایس در جدول ۸ نشان داده شده است. میزان تشابه ژنتیکی بر اساس ضریب دایس از ۰/۶۹ تا ۰/۹۷ متغیر بود که در این رابطه کمترین تشابه

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

(۰/۶۹) مربوط به نژادگان‌های انجیری زعفرانی خلیلی (R5) و زودرس مغان (R45) و بیشترین تشابه (۰/۹۷) مربوط به نژادگان‌های انجیری زعفرانی پلنگی (R3) و انجیری زعفرانی خلیلی (R5) بود. تجزیه خوشه‌ای بر اساس ضریب تشابه دایس و الگوریتم UPGMA نژادگان‌های مورد بررسی را در ۴ گروه قرار داد (شکل ۲). زیر گروه اول (I-A) شامل بیشتر نژادگان‌های انجیری گوشت زرد، نژادگان‌های گوشت سفید و نیز دو نژادگان زودرس هلو تابستانه (R31) و زعفرانی زودرس (R46) بود. در این زیر گروه بیشترین میزان ضریب تشابه ژنتیکی (۰/۹۷) بین انجیری زعفرانی پلنگی (R3) و انجیری زعفرانی خلیلی (R5) و نیز بین نژادگان‌های گجرگانات ۱(R2) و گجرگانات ۲ (R35) مشاهده گردید. در زیر گروه دوم (I-B) تنها نژادگان هلو کوثری (R42) قرار گرفت که جزو هلوهای گرد و گوشت سفید و نیمه شیرین و نیز زودرس می‌باشد. زیر گروه سوم (II-A) بیشتر نژادگان‌های گوشت سفید و دیررس را شامل می‌شد. در این گروه بیشترین میزان ضریب تشابه ژنتیکی (۰/۸۷) بین هلو موزی (R4) و هلو پاییزه (R34) مشاهده گردید. زیر گروه چهارم (II-B) شامل نژادگان زعفرانی تابستانه (R44) و زودرس مغان (R45) با ضریب تشابه (۰/۸۸) بود که زعفرانی تابستانه جزو نژادگان‌های میان‌رس و گوشت زرد و زودرس مغان جزو نژادگان‌های زودرس و گوشت سفید می‌باشد.

جدول ۷- دامنه تعداد آلل (Na)، هتروزیگوسیتی مشاهده شده (Ho)، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He)، محتوای اطلاعات چند شکل (PIC)، تعداد آلل موثر (Ne) و شاخص شانون (I) در مکان های ژنی مورد بررسی.

Table 7. Number of alleles (Na), heterozygosity, number of effective alleles (Ne), and polymorphic information content (PIC), Shannon's Information Index values (I) in evaluated locus.

مکان ژنی Locus	تعداد آلل Na	هتروزیگوسیتی مشاهده شده Ho	هتروزیگوسیتی مورد انتظار He	محتوای اطلاعات چند شکل PIC	تعداد آلل موثر Ne	شاخص شانون I
UDP97-402	6.00	0.26	0.76	0.71	3.96	1.53
UDP98-406	10.00	0.34	0.84	0.80	5.54	1.97
BPPCT010	4.00	0.13	0.61	0.52	2.49	1.03
BPPCT022	4.00	0.09	0.59	0.49	2.36	0.98
BPPCT036	3.00	0.03	0.53	0.41	2.08	0.78
BPPCT024	7.00	0.32	0.82	0.78	5.17	1.76
aprigms18	8.00	0.33	0.83	0.78	5.21	1.78
UDP98-408	3.00	0.12	0.62	0.53	2.52	1.00
CPPCT016	3.00	0.17	0.56	0.45	2.21	0.86
UDP96-018	7.00	0.14	0.64	0.56	2.70	1.22
UDP98-025	5.00	0.30	0.80	0.75	4.59	1.56
UDP97-401	5.00	0.25	0.75	0.69	3.74	1.40
UDP98-412	7.00	0.29	0.79	0.74	4.33	1.66
UDP98-409	9.00	0.29	0.79	0.75	4.45	1.74
AMPA121	5.00	0.26	0.72	0.65	3.36	1.33
UDP98-410	3.00	0.03	0.53	0.41	2.08	0.78
CPPCT017	7.00	0.18	0.68	0.61	3.01	1.36
UDP98-414	8.00	0.35	0.85	0.81	6.06	1.88
UDP96-019	5.00	0.22	0.72	0.66	3.40	1.36
M1a	3.00	0.07	0.57	0.46	2.25	0.88
means	5.60	0.21	0.70	0.63	3.57	1.34

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

جدول ۸-شباهت ژنتیکی دایس بین نژادگان‌های هلو.

Table 8. Dice genetic identity among peach genotypes.

	R1	R2	R3	R4	R5	R11	R13	R14	R15	R17	R19	R20	R24	R25	R30	R31	R34	R35	R36	R39	R42	R44	R45	R46
R1	1.00																							
R2	0.92	1.00																						
R3	0.82	0.82	1.00																					
R4	0.90	0.84	0.83	1.00																				
R5	0.77	0.83	0.97	0.74	1.00																			
R11	0.87	0.87	0.79	0.79	0.87	1.00																		
R13	0.85	0.85	0.70	0.86	0.78	0.83	1.00																	
R14	0.91	0.86	0.84	0.87	0.86	0.84	0.81	1.00																
R15	0.90	0.87	0.83	0.82	0.84	0.85	0.79	0.93	1.00															
R17	0.91	0.91	0.81	0.84	0.86	0.87	0.81	0.91	0.90	1.00														
R19	0.84	0.84	0.79	0.82	0.81	0.85	0.79	0.84	0.85	0.87	1.00													
R20	0.85	0.82	0.81	0.83	0.79	0.83	0.81	0.85	0.83	0.82	0.83	1.00												
R24	0.82	0.88	0.77	0.80	0.85	0.89	0.81	0.82	0.80	0.82	0.86	0.81	1.00											
R25	0.86	0.91	0.81	0.84	0.79	0.84	0.81	0.85	0.87	0.85	0.84	0.85	0.88	1.00										
R30	0.88	0.88	0.73	0.86	0.88	0.76	0.80	0.78	0.76	0.78	0.76	0.74	0.81	0.78	1.00									
R31	0.85	0.85	0.74	0.80	0.79	0.86	0.90	0.82	0.83	0.82	0.89	0.84	0.81	0.79	0.77	1.00								
R34	0.89	0.89	0.78	0.87	0.73	0.81	0.81	0.85	0.84	0.82	0.84	0.82	0.82	0.85	0.88	0.85	1.00							
R35	0.83	0.96	0.81	0.87	0.76	0.87	0.81	0.91	0.90	0.88	0.81	0.88	0.82	0.85	0.84	0.82	0.85	1.00						
R36	0.84	0.84	0.82	0.78	0.87	0.88	0.79	0.83	0.84	0.77	0.78	0.76	0.86	0.80	0.79	0.79	0.77	0.83	1.00					
R39	0.89	0.86	0.78	0.87	0.79	0.87	0.84	0.82	0.84	0.85	0.90	0.82	0.85	0.82	0.84	0.85	0.85	0.85	0.86	1.00				
R42	0.87	0.87	0.83	0.85	0.84	0.82	0.86	0.90	0.82	0.87	0.82	0.77	0.80	0.81	0.79	0.83	0.81	0.84	0.84	0.84	1.00			
R44	0.89	0.89	0.78	0.90	0.79	0.84	0.91	0.85	0.81	0.85	0.81	0.82	0.82	0.85	0.84	0.85	0.85	0.85	0.83	0.85	0.93	1.00		
R45	0.82	0.82	0.71	0.80	0.69	0.80	0.77	0.79	0.77	0.79	0.83	0.81	0.78	0.85	0.77	0.81	0.85	0.82	0.73	0.79	0.83	0.88	1.00	
R46	0.82	0.85	0.74	0.77	0.79	0.80	0.77	0.82	0.83	0.82	0.83	0.75	0.78	0.82	0.74	0.81	0.82	0.79	0.79	0.85	0.86	0.82	0.78	1.00

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

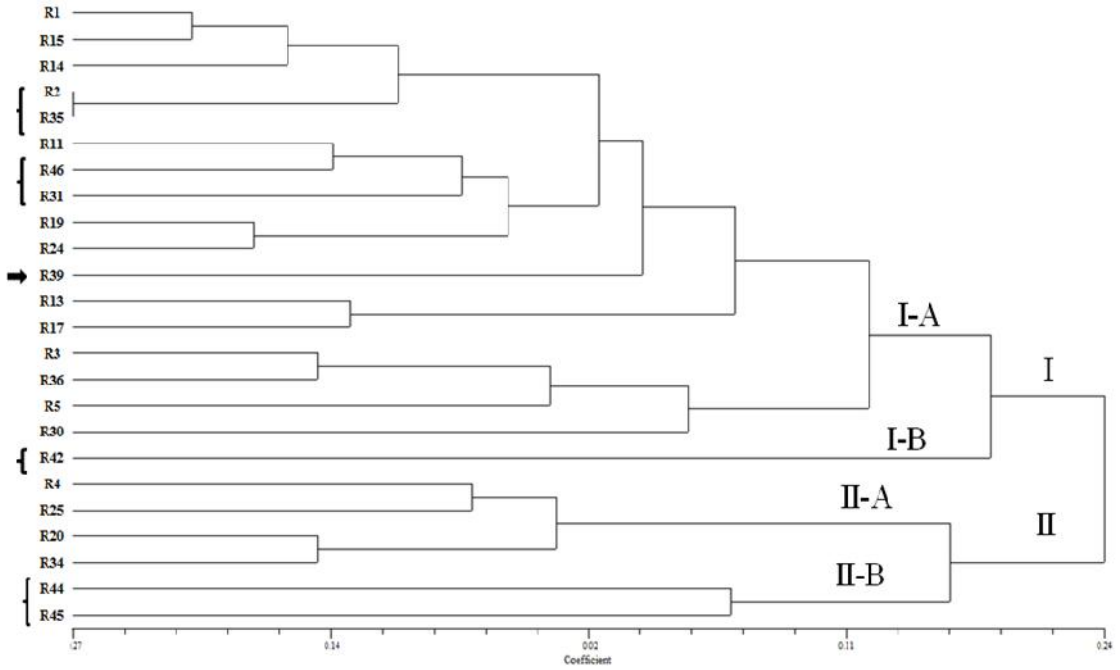

Fig. 2. UPGMA dendrogram of 24 *P. persica* cultivars based on their variations at 20 SSR loci. The name of each genotype correspond to its number in Table 1.

شکل ۲- دندروگرام به‌دست آمده از روش UPGMA برای ۲۴ نژادگان هلو با استفاده از ۲۰ نشانگر ریزماهواره. (نام هر نژادگان متناسب با شماره آن در جدول ۱ آورده شده است).

بحث

ارزیابی ریخت‌شناسی

بیشترین مقدار سفتی بافت مربوط به نژادگان زعفرانی زودرس با مقدار میانگین ۸۰/۵۷ بود. در برخی مطالعه‌ها نوعی جهش در مرحله رسیدن در برخی نتاج رقم‌های شلیل رقم فانتاسیا گزارش شده که توسعه میوه در مرحله قبل از پایان دوره توسعه یاخته‌ای (دوره سوم رشد و نمو میوه) متوقف شده و گوشت میوه نرم نمی‌شود و یا خیلی به آهستگی نرم می‌شود و با نام آهسته‌رس[۱]نام گذاری شده است که بافت گوشت میوه حالت ترد خواهد داشت. این حالت از بافت میوه جزو رقم‌های با گوشت سفت محسوب نمی‌گردد (۱۷). در مطاله حاضر در بین نژادگان‌های هلوی مورد بررسی نژادگان زعفرانی زودرس (R46) با دوره رسیدگی ۹۷ روز این حالت از بافت گوشت را نشان داد که جزو نژادگان‌های زودرس هلو می‌باشد. اگرچه ماده‌های جامد محلول در بین نژادگان‌ها متفاوت بود اما شرایط محیطی تاثیر زیادی روی آن داشت. در بررسی حاضر شرایط آب و هوایی منطقه مورد بررسی به‌واسطه همجواری با دریاچه ارومیه معتدل و نیمه مرطوب بوده و دامنه ماده‌های جامد محلول ۹/۷۸ تا ۱۴/۵۳ متغیر بود. در بررسی Kwon و همکاران (۱۶) در کره جنوبی با شرایط اقلیمی مرطوب با میانگین بارندگی تیر تا مرداد ۳۷۵ میلی‌متر، ماده‌های جامد محلول در محدوده ۹/۱ تا ۱۳/۹ بریکس بود در حالی که در بررسی Font i Forcada و همکاران (۱۳) در شرایط اقلیمی اسپانیا با شرایط نیمه خشک با میانگین ۱۷ میلیمتر بارندگی در تیر تا مرداد، ۱۴ تا ۱۸ بریکس گزارش شد. آب و هوای مرطوب و ابری در صورتی که در طول مراحل آخر توسعه اتفاق بیفتد کیفیت میوه را زیر تاثیر قرار می‌دهد. انجیری موری (R30) بیشترین اسیدیته کل با مقدار ۰/۷ میلی گرم در ۱۰۰ گرم اسید مالیک و نیز کمترین مقدار pH را داشت که با توجه به طبقه‌بندی Iglesias و Echeverría (۱۵) رقم‌هایی که دارای اسیدیته بین ۰/۶ الی ۰/۸ میلی‌گرم باشند جز رقم‌های اسیدی

۱- Slow ripening

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

محسوب می‌شوند. در حالی که نژادگان‌های زودرسی مانند انجیری تابستانی (R36) و زودرس مغان (R45) با مقدار اسیدیته کل به‌ترتیب ۰/۱۹ و ۰/۱۴۱میلی‌گرم طبق طبقه‌بندی Iglesias و Echeverría (۱۵) که دارای اسیدیته پایین‌تر از مقدار ۰/۳۳ میلی‌گرم می‌باشند جز رقم‌های شیرین لحاظ می‌شوند. بر اساس این طبقه‌بندی رقم‌هایی که دارای مقدار اسیدیته کمتر از ۰/۳۳ میلی‌گرم مالیک‌اسید باشند جزو رقم‌های شیرین، رقم‌هایی که دارای اسیدیته بین ۰/۳۳ تا ۰/۶ باشند نیمه‌شیرین، بین ۰/۶ تا ۰/۸ اسیدی و بیشتر از ۰/۸ خیلی اسیدی محسوب می‌شوند. در بین نژادگان‌های زودرس فقط هلو کوثری (R42) جزو رقم‌های نیمه شیرین قرارگرفت و دیگر نژادگان‌های زودرس شامل آلبرتا زعفرانی (R24)، هلو تابستانه (R31)، هلو پلاستیکی زودرس (R39) و زعفرانی زودرس (R46) جزو گروه شیرین قرار گرفتند و در بین نژادگان‌های دیررس نیز فقط انجیری زعفرانی پلنگی (R3) جزو گروه شیرین قرار گرفت و بقیه نژادگان‌ها شامل هلو موزی (R4)، انجیری زعفرانی خلیلی (R5)، جوادی دیررس (R13)، حاجی علی اکبری (R20)، R25 و هلو پاییزه (R34) جزو گروه نیمه شیرین قرار گرفتند. در بین نژادگان‌های میان‌رس، سه نژادگان شامل انجیری دیررس زعفرانی (R1)، انجیری مالکی (R14) و انجیری میانرس زعفرانی (R15) جزو گروه شیرین قرار گرفتند.

همبستگی مثبت و معنی‌دار بین زمان برداشت و مقدار ماده‌های جامد محلول به دست آمده در این پژوهش، در تطابق با نتیجه‌های Font i Forcada و همکاران (۱۳) در هلو می‌باشد. به‌طور کلی زمانی که میوه‌ها دیر برداشت می‌شوند، بزرگ‌تر بوده و مقدار TSS بیشتری خواهند داشت. هم‌چنین همبستگی مثبت و معنی‌دار بین شاخص رسیدگی میوه با ماده‌های جامد محلول و pH آب میوه و همبستگی منفی و معنی‌دار با سفتی، اسیدیته، وزن میوه و نسبت طول به قطر در دیگر محصول‌ها مانند زردالو و گیلاس توسط دیگر پژوهشگران گزارش شده است (۱، ۶، ۷، ۲۶). همبستگی معنی‌دار متفاوت مثبت و منفی بین سفتی بافت، شاخص رسیدگی، اسیدیته و ماده‌های جامد محلول بیان کننده این است که میوه‌های نرم با اسید پایین همراه می‌باشند که همسو با بررسی‌های Cantin و همکاران (۸) می‌باشد.

نتیجه‌های تجزیه به مولفه اصلی تا حد زیادی گروه بندی به‌دست آمده از تجزیه کلاستر را تأیید نمود. بنابراین ۸۶/۷۵٪ از تغییرها برای گروه‌بندی کافی می‌باشد. تجزیه به مولفه اصلی تجسم تفاوت بین افراد را امکان‌پذیر نموده و شناسایی گروه‌ها و ارتباط بین افراد و متغیرها را ممکن می‌سازد (۲۰). تجزیه به مولفه اصلی شناسایی الگوها و شباهت و تفاوت بین آن‌ها را برجسته می‌کند (۲۲).

نتیجه‌های تجزیه خوشه‌ای، وجود تنوع ریخت‌شناسی بین نژادگان‌ها را تأیید نمود. خوشه‌بندی، واکاوی همزمان ویژگی‌های کمی و کیفی را امکان‌پذیر می‌کند. کلاستربندی برای تشخیص شباهت بین نژادگان‌ها در برنامه‌های به‌نژادی استفاده می‌شود (۳۲). واکاوی خوشه‌بندی تشخیص شباهت یا نبود شباهت و نیز برخی ارتباط‌ها بین نژادگان‌ها را امکان‌پذیر می‌کند. نژادگان‌های زودس مانند هلو تابستانه (R31)، زودرس مغان (R45)، هلو پلاستیکی زودرس (R39)، R21، آلبرتا زعفرانی (R24)، انجیری تابستانی (R36)، هلو کوثری (R42) و زعفرانی زودرس (R46) در یک گروه (C) قرار گرفتند.

ارزیابی مولکولی

میانگین هتروزیگوسیتی مشاهده شده در این بررسی کمتر از میانگین گزارش شده توسط Bouhadida و همکاران (۵) در بررسی ۱۵ نشانگر SSR روی ۶۴ رقم هلو (۰/۲۳) و ۰/۳۵ توسط Aranzana و همکاران (۲) برای مجموعه ۲۱۲ رقم هلوی آنالیز شده با ۱۶ نشانگر SSR بود. میانگین هتروزیگوسیتی مورد انتظار کمی بیشتر از بررسی Aranzana و همکاران (۲) (۰/۵۰) بود. وجود آلل‌های بی اثر[۱] که سطوح هتروزیگوسیتی را

۱- Null alleles

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

متأثر می‌کند می‌تواند دلیل این اختلاف باشد. تعداد آلل زیاد مشاهده شده و نیز هتروزیگوسیتی مورد انتظار نشان دهنده توانایی نشانگر SSR برای فراهم کردن پروفایل بی نظیر مولکولی برای نژادگان‌ها می‌باشد. در بررسی حاضر میانگین ۵/۶۰ آلل در هر مکان ژنی مشاهده شد. در بررسی Sosinski و همکاران (۲۷) میانگین ۳/۰ آلل در هر مکان ژنی در بررسی ۲۸ رقم هلو گزارش گردید. هم‌چنین این مقدار کمتر از مقدار ۷/۳ آلل در هر مکان ژنی در بررسی Aranzana و همکاران (۳) در بررسی ۲۱۲ رقم با ۱۶ نشانگر SSR می‌باشد. در پژوهشی مشابه Turkoglu و همکاران (۲۹) با بررسی روابط ژنتیکی بین ۱۸۴ توده گونه‌های مختلف جنس *Prunus* با استفاده از ۱۶ جفت نشانگر SSR، ۱۳۳ آلل با میانگین ۱۳/۳ آلل در هر مکان ژنی شناسایی و میزان هتروزیگوسیتی مورد انتظار را در حدود ۰/۸۱ و هتروزیگوسیتی مشاهده شده را در حدود ۵۷/. برآورد کردند. آشکار است که تعداد آلل در هر مکان ژنی با تعداد نمونه و تعداد نشانگر استفاده شده ارتباط دارد. از سویی هتروزیگوسیتی مورد انتظار در این بررسی در مقایسه با گونه‌های دیگر *Prunus* مانند گیلاس (۰/۹۴۶) در بررسی Cantini و همکاران (۹) کمتر بود. تفاوت ممکن است منعکس کننده سیستم به‌نژادی مختلف و سطوح پلوئیدی بین گونه‌های مختلف *Prunus* باشد، زیرا هلو به نسبت خودسازگار و نیز دوگان می‌باشد (۱۱). دلیل هتروزیگوسیتی بالاتر شاید این باشد که برخی توده‌های موجود در این بررسی منشا جغرافیایی گسترده‌تری داشتند که در ویژگی‌های رنگ، بافت میوه، طعم، تاریخ برداشت، ساختار گل و شکل درخت با هم اختلاف داشتند. ضرایب تشابه ژنتیکی نزدیک بین نژادگان‌های مشاهده شده می‌تواند ناشی از جریان بالای ژنی بین آن‌ها باشد. تشابه ژنتیکی یک پارامتر با ارزش برای حفاظت ژرم پلاسم و نیز برای برنامه‌های به‌نژادی گیاهان می‌باشد. با توجه به مقادیر تشابه بین رقم‌ها می‌توان بیان نمود که تلاقی بین رقم‌هایی که کمترین تشابه را دارند (بیشترین فاصله)، بهترین نتیجه را در دستیابی به دورگه‌ها و یا دستیابی به بیشینه تفکیک در نسل‌های پس از F1 خواهد داشت. به خوبی اثبات شده است که تلاقی بین والدین غیر مرتبط و از نظر ژنتیکی دور، قدرت دورگه‌ای بیشتری را نسبت به تلاقی بین نژادگان‌های نزدیک مرتبط نشان می‌دهد (۲۴). در پژوهشی، Bouhadida و همکاران (۵) در بررسی تنوع ژنتیکی ۹۴ توده بومی اسپانیا با استفاده از نشانگرهای SSR، ضریب تشابه ژنتیکی را بین ۰/۳۱ تا ۰/۷۲ گزارش کردند. تفاوت‌های مشاهده شده بین این پژوهش و بررسی حاضر را می‌توان در تعداد نژادگان‌های مورد بررسی و نوع نشانگرهای مورد استفاده نسبت داد.

در این بررسی در بعضی حالت‌ها ویژگی‌های مشابهی بین کلاستربندی بر اساس داده‌های ریخت‌شناسی و کلاستربندی بر اساس داده‌های مولکولی مشاهده شد و در بسیاری از حالت‌ها مانند تفاوت در گروه‌بندی از نظر زمان رسیدگی و تفاوت از نظر ویژگی‌های مولکولی و ریخت‌شناسی با هم فرق داشتند. نتیجه‌ای که می‌توان از این پژوهش گرفت این است که آنالیز کلاستر مولکولی فقط در برخی حالات بر آنالیز کلاستر ریخت‌شناسی منطبق بوده است. چندین بررسی نتیجه‌های نشانگرهای مولکولی و ریخت‌شناسی را با هم مقایسه کرده و روابط بین این دو روش را پایین ارزیابی کرده‌اند (۱۸). پایین بودن رابطه مورفولوژیک و مولکولی می‌تواند به این علت باشد که نخست، نشانگرهای مولکولی نسبت به نشانگرهای ریخت‌شناسی بخش بزرگتری از ژنوم را پوشش می‌دهند که شامل مناطق کد شونده و نواحی غیر کد شونده است دوم این‌که نشانگرهای ریخت‌شناسی در انتخاب مصنوعی قرار نمی‌گیرند (۲۵).

نتیجه‌گیری

دستیابی به رقم‌های زودرس با کیفیت بالا و با نیاز سرمایی پایین با توجه به افزایش گرمایش جهانی از اولویت‌های برنامه به‌نژادی هلو می‌باشد. رقم‌های زودرس با نیاز سرمایی پایین می‌توانند برای کشت‌های مکانیزه و نیز کشت‌های گلخانه‌ای راهکاری مناسب باشند. برداشت زود هنگام میوه افزون بر کاهش مصرف سموم، برگشت زود هنگام سرمایه را نیز باعث می‌شود. در بررسی حاضر در بین نژادگان‌های هلوی زودرس مورد

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

بررسی زعفرانی زودرس (R46) دارای بافت گوشت آهسته‌رس بود که دارای رنگ گوشت زرد می‌باشد که این ویژگی در بین رقم‌های زودرس تاکنون گزارش نشده است. نتیجه‌های تجزیه خوشه‌ای بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناسی نژادگان‌های زودرس را از لحاظ زمان رسیدگی در یک گروه قرار داد در حالی که در گروه‌بندی ژنتیکی، گروه‌بندی از لحاظ زمان رسیدگی کمتر دیده شد ولی نژادگان‌هایی مانند گجرگانات۱ (R2) و گجرگانات ۲ (R35)، انجیری زعفرانی پلنگی (R3) و انجیری زعفرانی خلیلی (R5) که در بررسی مولکولی در زیر گروه اول قرار گرفتند از لحاظ ریخت‌شناسی نیز بسیار شبیه همدیگر بودند که به احتمال زیاد هم‌گروهی از همدیگر باشند.

منابع References

1. Abidi, W., C.M. Cantín, S. Jiménez, R. Giménez, M.Á. Moreno and Y. Gogorcena. 2015. Influence of antioxidant compounds, total sugars and genetic background on the chilling injury susceptibility of a non-melting peach (*Prunus persica* (L.) Batsch) progeny. J. Sci. Food Agr. 95(2): 351-358.
2. Aranzana, M., J. Carbó and P. Arús. 2003. Microsatellite variability in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]: cultivar identification, marker mutation, pedigree inferences and population structure. Theor. Appl. Genet. 106(8): 1341-1352.
3. Aranzana, M., J. Garcia-Mas, J. Carbo and P. Arús. 2002. Development and variability analysis of microsatellite markers in peach. Plant Breed. 121(1): 87-92.
4. Bouhadida, M., A.M. Casas, M.A. Moreno and Y. Gogorcena. 2007. Molecular characterization of Miraflores peach variety and relatives using SSRs. Sci. Hort. 111(2): 140-145.
5. Bouhadida, M., M.Á. Moreno, M.J. Gonzalo, J.M. Alonso and Y. Gogorcena. 2011. Genetic variability of introduced and local Spanish peach cultivars determined by SSR markers. Tree Genet. Genomes. 7(2): 257-270.
6. Bureau, S., C.M. Renard, M. Reich, C. Ginies and J.M. Audergon. 2009. Change in anthocyanin concentrations in red apricot fruits during ripening. LWT-Food Sci. Technol. 42(1): 372-377.
7. Cantin, C.M., Y. Gogorcena and M.Á. Moreno. 2009. Analysis of phenotypic variation of sugar profile in different peach and nectarine [*Prunus persica* (L.) Batsch] breeding progenies. J. Sci. Food Agric. 89(11): 1909-1917.
8. Cantin, C.M., Y. Gogorcena and M.Á. Moreno. 2010. Phenotypic diversity and relationships of fruit quality traits in peach and nectarine [*Prunus persica* (L.) Batsch] breeding progenies. Euphytica, 171(2): 211-226.
9. Cantini, C., A.F. Iezzoni, W.F. Lamboy, M. Boritzki and D. Struss. 2001. DNA fingerprinting of tetraploid cherry germplasm using simple sequence repeats. J. Am. Soc. Hort. Sci. 126(2): 205-209.
10. Cao, K., L. Wang, G. Zhu, W. Fang, C. Chen and J. Luo. 2012. Genetic diversity, linkage disequilibrium, and association mapping analyses of peach (*Prunus persica*) landraces in China. Tree Genet. Genomes, 8(5): 975-990.
11. Cheng, Z. and H. Huang. 2009. SSR fingerprinting Chinese peach cultivars and landraces (*Prunus persica*) and analysis of their genetic relationships. Sci. Hort. 120(2): 188-193.
12. FAOSTAT. 2017. Food and Agriculture Organization. Value of Agricultural Production in FAO from http://FAOSTAT.fao.org.

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

13. Font i Forcada, C., T.M. Gradziel, Y. Gogorcena and M. Moreno. 2014. Phenotypic diversity among local Spanish and foreign peach and nectarine [*Prunus persica* (L.) Batsch] accessions. Euphytica, 197(2): 261-277.
14. Frett, T.J., K. Gasic, J.R. Clark, D. Byrne, T. Gradziel and C. Crisosto. 2012. Standardized phenotyping for fruit quality in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 66(4): 214-219.
15. Iglesias, I. and G. Echeverría. 2009. Differential effect of cultivar and harvest date on nectarine colour, quality and consumer acceptance. Sci. Hort. 120(1): 41-50.
16. Kwon, J., J. Jun, E. Nam, K. Chung, S. Hong, I. Yoon, S. Yun and Y. Kwack. 2015. Profiling diversity and comparison of Eastern and Western cultivars of *Prunus persica* based on phenotypic traits. Euphytica, (32): 1-15.
17. Layne, D.R. and D. Bassi. 2008. The peach: botany, production and uses: CABI.
18. Legave, J. M., V. Segura, D. Fournier and E. Costes. 2006. The effect of genotype, location and their interaction on early growth and branching in apricot trees. J. Hort. Sci. Biotechnol. 81(2): 189-198.
19. Li, X. W., X. Q. Meng, H. J. Jia, M. L. Yu, R. J. Ma, L. R. Wang, K. Cao, Z. J. Shen, L. Niu. 2013. Peach genetic resources: diversity, population structure and linkage disequilibrium. BMC Genetics, 14(1): 84-96.
20. Martínez-Calvo, J., A.D. Gisbert, M.C. Alamar, R. Hernandorena, C. Romero, G. Llácer and M.L. Badenes. 2008. Study of a germplasm collection of loquat (*Eriobotrya japonica* Lindl.) by multivariate analysis. Gen Res, Crop Evol. 55(5): 695-703.
21. Ministry of Agriculture Jihad. 2017. Retrieved March 1. http://amar.maj.ir.
22. Mratinic, E., B. Popovski, T. Milosevic and M. Popovska. 2011. Analysis of morphological and pomological characteristics of apricot germplasm in FYR Macedonia. J. Agri. Sci. Technol. 13: 1121-1134.
23. National weather service. 2018. Retrieved January 1. from http://www.weatherbase.com.
24. Reif, J.C., F.M. Gumpert, S. Fischer and A.E. Melchinger. 2007. Impact of interpopulation divergence on additive and dominance variance in hybrid populations. Genetics, 43: 23-35.
25. Semagn, K. 2002. Genetic relationships among ten endod types as revealed by a combination of morphological, RAPD and AFLP markers. Hereditas, 137(2): 149-156.
26. Serrano, M., F. Guillen, D. Martinez-Romero, S. Castillo and D. Valero. 2005. Chemical constituents and antioxidant activity of sweet cherry at different ripening stages. J. Agric. Food Chem. 53(7): 2741-2745.
27. Sosinski, B., M. Gannavarapu, L.D. Hager, L.E. Beck, G.J. King, C.D. Ryder, S. Rajapakse, W.V. Baird, R.E. Ballard, et al. 2000. Characterization of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. Theor. Appl. Genet. 101(3): 421-428.
28. Sun, S. X., D. Chen, L. Jing, M.-Y. Tu, H.-J. Xie and G. L. Jiang. 2012. Molecular identification of peach bud sports from Beijing with ISSR and SSR. J. Fruit Sci. 1: 21-26. 261.
29. Turkoglu, Z., A. Koc, S. Ercisli, S. Bilgener, M. Akbulut, N. Yildirim, R. Gercekcioglu, A. Esitken and M. Gunes. 2012. Genetic relationships among Prunus rootstocks for sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars. Plant Genetic Resourc, 10(02): 101-107.

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

30. Verde, I., A.G. Abbott, S. Scalabrin, S. Jung, S. Shu and F. Marroni. 2013. The high-quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution. Nature Gen. 45(5): 487-494.
31. Yoon, J., D. Liu, W. Song, W. Liu, A. Zhang and S. Li. 2006. Genetic diversity and ecogeographical phylogenetic relationships among peach and nectarine cultivars based on simple sequence repeat (SSR) markers. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 131(4): 513-521.
32. Zeinali, H., S. Tabaei-Aghdaei and A. Arzani. 2010. A study of morphological variations and their relationship with flower yield and yield components in *Rosa damascena*. J. Agr. Sci. Technol. 11: 439-448.
33. Zhou, H., K. Lin-Wang, H. Wang, C. Gu, A.P. Dare and R.V. Espley. 2015. Molecular genetics of blood-fleshed peach reveals activation of anthocyanin biosynthesis by NAC transcription factors. Plant J. (1): 105-121.

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

Iranian Journal of Horticultural Science and Technology 19 (2): 227-248 (2018)

Evaluation of Morphological and Genetic Diversity of Some Peach Genotypes in Iran

R. Abdollahi, J. Hajilou*, M. Zainalabedini, N. Mahna and M.R. Ghaffari[1]

In this study, 24 peach genotypes were studied to determine the overall degree of polymorphism and to detect similarities among early, medium and late ripening peach genotypes by morphological and microsatellite markers. Morphological characters in three groups based on ripening time were considered according to peach descriptor. The variations were observed for traits related to morphology and fruit quality. Among the early ripening genotypes of peach, a crispy texture (called slow ripening) was detected. Factor analysis showed that the first four factors explained 86.74% of the total variation among the 24 genotypes. Cluster and principal component analysis showed a considerable phenotypically diversity in the peach germplasm. The cluster analysis by Wards method divided the genotypes into three main groups. In order to estimate their genetic diversity and to clarify their possible relationships, 20 SSR primer pairs, were used. A total of 112 alleles were produced with an average of 6.5 alleles per locus. The number of alleles (Na) varied from three for BPPCT036 to 10 for the UDP98-406. The effective number of allele (Ne) ranged from 2.08 in BPPCT036 to 06.06 for UDP98-414 with an average of 57.3 per locus. Expected heterozygosity ranged from 0.33 for BPPCT036 to 0.85 for UDP98-414 with an average of 0.70 per locus. The cluster analysis divided the genotypes into four groups. The Kosari peach was isolated in one subgroup. The second group consisted of two subgroups; most of them were late harvest genotypes.

Keywords: Early ripening peaches, Morphological Diversity, Microsatellite.

[Downloaded from journal-irshs.ir on 2025-12-17]

[DOR: 20.1001.1.16807154.1397.19.2.8.0]

1. Ph.D. Student and Professor, Department of Horticultural Sciences, College of Agriculture, University of Tabriz, Assistant Professor, Agriculture Biotechnology Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO) Karaj, Associate Professor, Department of Horticultural Sciences, College of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz and Assistant Professor, Agriculture Biotechnology Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO) Karaj, Iran, respectively.

* Corresponding author, Email: (j_hajilou@tabrizu.ac.ir).