"مجله علوم زراعي ايران"

جلد هشتم، شماره ٤، زمستان ١٣٨٥

بررسی تنوع ژنتیکی جرم‌پلاسم بادام زمینی با استفاده از صفات مورفولوژیکی

Assessment of genetic diversity in groundnut (*Arachis hypogea* L.) germplasm using morphological traits

علی اعلمی[1]، مسعود اصفهانی[2]، بابک عبدالهی مندولکانی[3] و جواد مظفری[4]

چکیده

اعلمي, ع., م. اصفهاني, ب. مندولكاني و ج. مظفري. ١٣٨٥. بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم بادام زمینی با استفاده از صفات مورفولوژیکی. مجله علوم زراعي ايران. ٨ (۴): ٣۶٧-٣۵٧.

به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم بادام زمینی بانک ژن گیاهی ملی ایران از لحاظ صفات مهم مورفولوژیکی، ۷۶ ژنوتیپ بادام‌زمینی طی سال زراعی ۱۳۸۱ در قالب طرح بلوک های کامل تصادفی در دو تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان کشت شدند. صفات مورفولوژیك براساس دستورالعمل انستیتو تحقیقات بین‌المللي گیاهان زراعي مناطق گرمسیري نیمه خشك (ICRISAT) اندازه‌گیري شدند. این صفات شامل طول غلاف، عرض غلاف، تعداد دانه در غلاف، نسبت وزن دانه به وزن غلاف، وزن دانه، طول دانه، عرض دانه، تعداد غلاف در گیاه، تعداد دانه در گیاه ، وزن غلاف در گیاه و وزن دانه در گیاه بود. تجزیه و تحلیل داده‌ها نشان داد که همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وزن دانه با طول و عرض دانه و طول و عرض غلاف وجود داشت. همچنین تعداد غلاف در گیاه با تعداد دانه در گیاه و وزن غلاف همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. سه مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ۷۲ درصد از کل واریانس متغیرهای اولیه را توجیه کردند. مؤلفه اصلی اول بیشتر متأثر از صفات عملکرد دانه، تعداد دانه در گیاه، طول، عرض و وزن دانه ، تعداد غلاف در گیاه، وزن غلاف در گیاه و عرض و طول غلاف بود. تجزیه خوشه‌ای براساس روش وارد با استفاده از ضریب مجذور فاصله اقلیدسی ژنوتیپ‌های بادام زمینی را به سه گروه تقسیم‌بندی کرد. نتایج حاصله نشان داد که نمونه‌های مورد مطالعه تشابه بالایی (متوسط فاصله اقلیدسی ۰/۱۹) با یکدیگر داشتند، بنابراین پیشنهاد می‌شود در تحقیقات آتی ضمن گسترش پایه ژنتیکی جرم‌پلاسم بادام‌زمینی، برای تکمیل و ارزیابی بهتر تنوع ژنتیکی ژرم پلاسم از نشانگرهای مولکولی استفاده شود.

واژه‌های کلیدی: بادام زمینی، تنوع ژنتیکی، صفات مورفولوژیکی، تجزیه خوشه‌ای، ضریب مجذور فاصله اقلیدسی.

تاریخ دریافت: ۱۳۸۵/۶/۲۳

۱ـ عضو هیأت علمی دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

۲ـ عضو هیأت علمی دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان (مکاتبه کننده)

۳ـ دانشجوی دکتری، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

٤ـ عضو هیأت علمی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر

Archive of SID

www.SID.ir

مقدمه

بادام‌زمینی (*Arachis hypogea*) از تیره پروانه‌آسا، بزرگترین و مهم‌ترین زیرده از سه زیرده تیره بقولات است. بادام‌زمینی یک گیاه روغنی مهم است که در ٩٦ کشور جهان کشت می‌شود. این گیاه بومی منطقه آمریکای جنوب شرقی است که در صورت عدم دسترسی به گوشت، می‌تواند بخش ارزشمندی از پروتئین غذایی انسان را تأمین کند. جنس *Arachis* دارای ٧ گونه است که بومی آمریکای جنوبی بوده و تقریباً همه آن‌ها دیپلوئید هستند. بادام زمینی (٤٠= ٤x =٢n) گیاهی خودبارور و آلوتتراپلوئید است (ناصری، ١٣٧٠). علیرغم تنوع مورفولوژیکی بالا در ژرم‌پلاسم بادام‌زمینی، این تنوع به اندازه کافی در برنامه‌های اصلاحی بادام‌زمینی مورد استفاده قرار نگرفته است و بسیاری از ارقام زراعی موجود معمولاً بر پایه یک یا چند والد مشترک تولید شده‌اند. این موضوع شاید به علت عدم وجود اطلاعات کافی در مورد صفات مورفولوژیکی و زراعی بادام‌زمینی باشد (Badigannavar *et al*., 2002). بنابراین برای بهره‌برداری از تنوع موجود در ژرم‌پلاسم بادام‌زمینی، ارزیابی صفات مورفولوژیکی و زراعی آن ضروری است. ارزیابی تنوع ژنتیکی و روابط خویشاوندی، ایجاد و توسعه کلکسیون‌های مرکزی ژرم‌پلاسم برای ارزیابی بهتر منابع ژنتیکی، افزایش کارآیی مجموعه‌های ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی و تسهیل مدیریت ژرم‌پلاسم مفید هستند (Dwivedi *et al*., 2001; Hilu and Stalker, 1995; Upadhaya *et al*., 2003; Badigannavar *et al*., 2002). برآورد روابط ژنتیکی و ارزیابی تنوع ژنتیکی بر مبنای صفات مورفولوژیک، فیزیولوژیک و زراعی می‌تواند برای سازماندهی ژرم پلاسم، گزینش والدین مناسب برای دورگ‌گیری و تولید جمعیت‌های در حال تفرق سودمند باشد. توسعه کلکسیون‌های مرکزی برای شناسایی ژن‌های مفید و همچنین ارزیابی صفاتی که اندازه‌گیری آن‌ها سخت و پرهزینه است، مؤثر می‌باشد (Harch *et al*., 1997; Harch *et al*., 1996; Halbrook and Dong, 2005; Foundra *et al*., 2000). هارچ و همکاران (Harch *et al*., 1997) با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی ٢٨ صفت مورفولوژیکی در یک مجموعه ٤٢ تایی *Arachis duranesis*، پنج صفت ارتفاع ساقه اصلی، طول برگچه انتهایی روی ساقه اصلی، طول باریکه‌های بین شکم غلاف‌ها، عرض دانه و واکنش به زنگ بادام را شناسایی کردند که بیشتر از ٦١/٤ درصد از کل تنوع اولیه این مجموعه را توجیه می‌کرد. فوندرا و همکاران (Foundra *et al*., 2000) با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی داده‌های ١٤ صفت مورفولوژیکی، تنوع ژنتیکی یک جمعیت ٨٦ تایی بادام‌زمینی مربوط به ایکریسات را مورد ارزیابی قرار دادند و گزارش نمودند که صفات طول غلاف، تعداد دانه در غلاف، وزن غلاف و وزن دانه، بیشترین اهمیت را در ارزیابی تنوع این جمعیت داشتند، تجزیه خوشه‌ای به روش وارد نمونه‌های یاد شده را به ٩ گروه منتسب کرد. اوپادهیایا و همکاران (Upadhyaya *et al*., 2003) با استفاده از ١٤ صفت مورفولوژیکی مندرج در دستورالعمل اندازه‌گیری و ثبت صفات بادام‌زمینی، ژرم‌پلاسم بادام‌زمینی موجود در انستیتو تحقیقات بین‌المللی گیاهان زراعی مناطق گرمسیری نیمه خشک (ICRISAT) را مورد مطالعه قرار داده و یک کلکسیون مرکزی را که نماینده کلکسیون اولیه بود، تشکیل دادند و گزارش کردند که این کلکسیون مرکزی دسترسی بهتر به منابع ژنتیکی و ارزیابی مؤثر آن‌ها را به طور کارآمدتری میسر می‌سازد. هالبروک و دانگ (Halbrook and Dong., 2005) با استفاده از ١٦ صفت مورفولوژیک، یک کلکسیون مرکزی با ١١٢ نمونه، از یک کلکسیون اولیه بادام‌زمینی آمریکا شامل ٨٣١ نمونه، تهیه کردند و نشان دادند که این کلکسیون برای شناسایی ژن‌های مقاومت و ارزیابی و اندازه‌گیری صفات پرهزینه و مشکل مفید است.

Archive of SID

www.SID.ir

هدف از مطالعه حاضر، ارزیابی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی موجود در ژرم‌پلاسم بانک ژن گیاهی ملی ایران بر اساس برخی صفات مهم مورفولوژیک، بررسی همبستگی بین این صفات و ارزیابی تنوع ژنتیکی این مجموعه بوده است.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی: مواد گیاهی شامل کلیه نمونه‌های بادام‌زمینی موجود در جرم‌پلاسم بانک ژن گیاهی ملی ایران بود. این نمونه‌ها براساس تقسیم‌بندی انستیتو تحقیقات بین‌المللی گیاهان زراعی مناطق گرمسیری نیمه‌خشک[1] (ICRISAT) به ۵ گروه مختلف A (متوسط رس، ویرجینیا بانچ)، B (متوسط رس، اسپانیش بانچ)، C (آجیلی)، D (مقاوم به خشکی) و E (زودرس) تقسیم‌شده بودند. همه‌ی نمونه‌های مورد مطالعه از نوع تیپ ایستاده بودند. مشخصات نمونه‌ها در جدول شماره یک ارائه شده است.

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی مورد آزمایش براساس تقسیم‌بندی ایکریسات

Table 1. Name of Peanut genotypes according to ICRISAT classification

	گروه A	گروهB	گروه C	گروه D	گروه E
1	ICGV 92046	ICGV 92001	ICGV 92151	ICGV 92109	ICGV 91155
2	ICGV 92049	ICGV 92004	ICGV 92167	ICGV 92113	ICGV 92195
3	ICGV 92050	ICGV 92015	ICGV 92173	ICGV 92116	ICGV 92206
4	ICGV 92052	ICGV 92022	ICGV 93030	ICGV 92118	ICGV 92217
5	ICGV 92054	ICGV 92023	ICGV 93041	ICGV 92120	ICGV 92218
6	ICGV 92064	ICGV 92027	ICGV 93057	ICGV 92121	ICGV 92222
7	ICGV 92071	ICGV 92028	ICGV 93077	ICGV 92126	ICGV 92229
8	ICGV 92076	ICGV 92033	ICGV 93095	ICGV 93232	ICGV 92267
9	ICGV 93152	ICGV 92035	ICGV 93104	ICGV 93233	ICGV 93370
10	ICGV 93155	ICGV 92040	ICGV 94198	ICGV 93255	ICGV 93382
11	ICGV 93162	ICGV 93128	ICGV 94204	ICGV 93260	ICGV 93388
12	ICGV 93163	ICGV 93133	ICGV 94205	ICGV 93261	ICGV 93392
13	ICGV 93164	ICGV 93134	ICGV 94216	ICGV 93269	ICGV 93420
14	ICGV 93171	ICGV 93135	ICGV 94217	ICGV 93277	ICGV 94361
15	ICGV 93180	ICGV 93136	ICGV 9422	ICGV 86635	Chico
16	NC2 (شاهد)				

آزمایش‌های مزرعه‌ای: با توجه به بررسی‌های به عمل آمده در بخش تحقیقات دانه‌های روغنی مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر، ایستگاه لشت نشاء گیلان، رقم NC2 با عملکرد ۲۵۸۰ کیلوگرم دانه در هکتار نسبت به سایر ارقام برتری نشان داده و به همین دلیل در حال حاضر به عنوان رقم غالب در استان گیلان کشت و کار می‌شود (احمدی، ۱۳۶۱ و ۱۳۶۲)، بر این اساس ۷۵ نمونه بادام‌زمینی از انواع مختلف آجیلی و روغنی دریافت شده از بانک ژن گیاهی ملی ایران همراه با رقم NC2 (به عنوان شاهد) در سال زراعی ۱۳۸۱ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار کشت شدند. پس از شخم و دیسک زمین در بهار، مقدار ۷۰ کیلوگرم کود نیتروژن از منبع اوره و ۱۰۰ کیلوگرم کود فسفر از منبع سوپر فسفات تریپل در هکتار در مزرعه پخش شده و با دیسک‌زنی مجدد با خاک مخلوط شدند. خاک مزرعه به دلیل درصد بالای رس (حدود ۱۸ درصد)، با افزودن ماسه و کود حیوانی به صورت موضعی اصلاح

1- International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۲- خلاصه تجزیه واریانس (میانگین مربعات) صفات کمی مورد ارزیابی در ژنوتیپ های بادام زمینی

Table 2. Summary of analysis of variance (Mean Squares) of quantitative traits in peanut genotypes

منابع تغییر S. O. V.		درجه آزادی df	عمکرد دانه Grain yield	وزن دانه Grain weight	وزن غلاف Pod weight	طول غلاف Pod lenght	عرض غلاف Pod width	طول دانه Grain lenght	عرض دانه Grain width	تعداد غلاف دربوته Pod No./Plant	تعداد دانه در گیاه Grain No./Plant	نسبت وزن دانه به غلاف Grain W./ Pod W.
Replication	تکرار	1	0.03	0.03	18.84**	0.21	0.00	0.01	0.20	341.86	1008.58	0.00
Genotype	ژنوتیپ	75	0.37**	0.04**	354.4**	0.55**	0.12**	0.12**	0.05**	134.31**	495.07**	0.28**
Error	اشتباه	75	0.08	0.00	38.72	0.06	0.02	0.01	0.01	62.77	184.57	0.07
C.V. (%)	ضریب تغییرات (درصد)		30.42	15.32	37.27	8.11	11.69	8.09	16.31	27.66	26.03	11.29

**: Significant at 1% probability level.

**: معنی دار در سطح احتمال یک درصد

ادامه جدول ۲

Table 2: Continued

منابع تغییر S. O. V.		درجات آزادی df	تعداد دانه در غلاف Grain No./Pod	وزن غلاف در بوته Pod W./Plant	وزن دانه در بوته Grain W./Plant
Replication	تکرار	1	0.00	55.00	20.15
Genotype	ژنوتیپ	75	0.05**	112.06**	132.25**
Error	اشتباه	75	0.01	20.50	64.85
C.V. (%)	ضریب تغییرات (درصد)		6.65	26.03	29.31

**: Significant at 1% probability level.

**: معنی دار در سطح احتمال یک درصد

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۳- ضرایب همبستگی بین صفات مربوط به دانه در ژنوتیپ های بادام زمینی

Table 3. Correlation coefficients between grain related characteristics in Peanut genotypes

Traits	صفات	عملکرد دانه Grain yield	طول غلاف Pod length	عرض غلاف Pod width	تعداد دانه در غلاف Grain No./Pod	نسبت وزن دانه به وزن غلاف Grain Wg./Pod Wg.	وزن دانه Grain weight	طول دانه Grain length	عرض دانه Grain width	میانگین تعداد غلاف در بوته Avg. Pod No./plant	میانگین تعداد دانه در گیاه Avg. Grain No./plant	میانگین وزن غلاف دربوته Avg. Pod W./plant	میانگین وزن دانه در بوته Avg.Grain W./plant
Grain Yield	عملکرد دانه	1											
Pod length	طول غلاف	ns	1										
Pod width	عرض غلاف	ns	0.595**	1									
Grain No./ Pod	تعداد دانه در غلاف	0.242**	ns	-0.240*	1								
Grain W./Pod W.	نسبت وزن دانه به وزن غلاف	ns	-0.329**	-0.515**	0.226*	1							
Grain weight	وزن دانه	0.509**	0.655**	0.624**	-0.230*	ns	1						
Grain length	طول دانه	ns	0.873**	0.695**	-0.255	-0.350*	0.761**	1					
Grain width	عرض دانه	ns	0.489**	0.615**	ns	ns	0.726**	0.647	1				
Avg. Pod No./Plant	میانگین تعداد غلاف دربوته	0.608**	-0.534**	-0.535**	ns	0.345**	-0.496**	-0.543**	-0.477**	1			
Avg. Grain No./ Plant	میانگین تعداد دانه در گیاه	0.715**	-0.533**	-0.607**	ns	0.434**	-0.565**	-0.617**	-0.521**	0.938**	1		
Avg. Pod W./Plant	میانگین وزن غلاف در بوته	0.715**	0.321**	0.388**	ns	ns	0.429**	0.329**	0.333**	0.559**	0.493**	1	
Avg. Grain W./Plant	میانگین وزن دانه در بوته	0.354**	ns	ns	ns	0.557**	ns	ns	ns	0.599**	0.611**	0.861**	1

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

* و **: به ترتیب معنی دار در سطح ۵٪ و ۱٪.

ns: No- significant

ns: غیرمعنی دار

Archive of SID

www.SID.ir

شد و سپس بذرها به صورت ردیفی (۲۰×۶۰ سانتیمتر) کشت شدند. پس از سبز شدن بذرها ضمن انجام عملیات معمول داشت از جمله تنک کردن بوته‌ها، آبیاری، وجین وخاک‌دهی پای بوته‌ها، صفات مورفولوژیک بر اساس دستورالعمل اندازه‌گیری و ثبت صفات بادام‌زمینی که توسط انستیتو تحقیقات بین‌المللی گیاهان زراعی‌مناطق گرمسیری نیمه‌خشک (ICRISAT) تنظیم شده است، در ۳ بوته به طور تصادفی از هر نمونه و در هر تکرار اندازه‌گیری و ثبت شدند. صفات مورد بررسی شامل طول غلاف، عرض غلاف، تعداد دانه در غلاف، نسبت وزن دانه به وزن غلاف، وزن دانه، طول دانه، عرض دانه، تعداد غلاف در گیاه، تعداد دانه در گیاه، وزن غلاف در گیاه و وزن دانه در گیاه بود.

تجزیه‌های آماری: با توجه به داده‌های اندازه‌گیری شده، همبستگی بین صفات، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر روش وارد (ward) براساس مجذور فاصله اقلیدسی پس از تبدیل Z با استفاده از نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۰ انجام گرفت. برای تعیین بهترین نقطه‌ی برش برای دندروگرام حاصله، از تجزیه‌ی تابع تشخیص و تجزیه‌ی واریانس چندمتغیره (MANOVA) استفاده شد. ضرایب همبستگی کوفنتیک با استفاده از نرم‌افزار Ntsys 2.21 محاسبه شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس صفات کمی مورد ارزیابی در جدول شماره ۲ ارائه شده است. تفاوت میان ژنوتیپ‌ها برای کلیه صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود که این موضوع نشان‌دهنده وجود تنوع میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر صفات کمی ذکر شده بود.

نتایج همبستگی پیرسون بین صفات مورد مطالعه نشان داد که همبستگی مثبت و معنی‌داری ($P<0.01$) بین عملکرد دانه با وزن غلاف در بوته (**۰/۷۱۵ = r)، تعداد دانه در بوته (**۰/۷۱۵ = r)، تعداد غلاف در بوته (**۰/۶۰۸ = r) و وزن دانه (**۰/۵۰۹ = r) وجود داشت. بین وزن دانه با طول دانه (**۰/۷۷ = r) و عرض دانه (**۰/۷۳ = r) ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود داشت (جدول ۳). تعداد غلاف در گیاه نیز با تعداد دانه در گیاه (**۰/۹۴ = r) و وزن غلاف در گیاه (**۰/۵۶ = r)، همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. همبستگی مثبت و معنی‌دار طول و عرض دانه با وزن دانه نشان داد که این صفات در ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی، عوامل تعیین‌کننده‌ای در عملکرد هستند و گزینش در جهت این دو صفت احتمالاً به بهبود عملکرد بادام‌زمینی کمک خواهد کرد. بین وزن دانه با طول غلاف (**۰/۶۶ = r) و عرض غلاف (**۰/۶۲ = r) نیز همبستگی مثبت و معنی‌داری مشاهده شد که از این دو صفت نیز می‌توان در کنار طول و عرض دانه به عنوان عوامل تعیین‌کننده عملکرد در بادام‌زمینی استفاده کرد. احتمالاً غلاف‌های بزرگتر فرصت رشد بیشتری به دانه‌ها داده و امکان تولید دانه‌های بزرگتری را فراهم می‌سازند. وزن دانه با تعداد دانه در گیاه و وزن غلاف همبستگی منفی معنی‌داری نشان داد. واریسای‌محمد و همکاران (Varisai-Muhammad *et al*., 1975) و سومرو و لاریک (Soomro and Larik, 1981) نشان داده بودند که عمدتاً صفات کمی مربوط به دانه مانند وزن و تعداد دانه با صفات مربوط به غلاف در بادام‌زمینی همبستگی دارند.

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی با استفاده از ۱۱ صفت مورد مطالعه نشان داد که سه مؤلفه اول در مجموع ۷۲ درصد از تغییرات متغیرهای اولیه را توجیه می‌کردند که ۴۶ درصد مربوط به مؤلفه اول، ۱۶ درصد مربوط به مؤلفه دوم و ۱۰ درصد مربوط به مؤلفه سوم بود. در مؤلفه اول بیشترین اهمیت مربوط به صفات تعداد دانه در گیاه، وزن غلاف در گیاه، طول، عرض و وزن دانه، تعداد غلاف در گیاه، عرض و طول غلاف بود. بیشتر این صفات، صفات تعیین‌کننده عملکرد هستند و بنابراین به نظر می‌رسد، صفات مهم در تعیین عملکرد

Archive of SID
www.SID.ir

عمدتاً شامل خصوصیات دانه در غلاف‌ها بوده باشد. در آزمایش‌هایی که توسط سینگ و همکاران (Singh *et al.*, 1995) و فوندرا و همکاران (Foundra *et al.*, 2000) روی بادام‌زمینی انجام گرفت، اغلب این صفات به عنوان صفات مهم در بررسی تنوع ژنتیکی و مورفولوژیکی بادام‌زمینی گزارش شده‌اند و بنابراین می‌توانند در آزمایش‌های که تعداد زیادی نمونه می‌بایست مورد ارزیابی قرار گیرند و یا اندازه‌گیری برخی خصوصیات مورفولوژیکی در آن‌ها پر زحمت و وقت‌گیر است استفاده شوند، به علاوه از این صفات می‌توان به عنوان شاخص در تهیه کلکسیون‌های مرکزی از کلکسیون‌های اولیه و انتخاب نمونه‌هایی که نماینده کل تنوع کلکسیون اولیه هستند استفاده کرد (Halbrook and Dong, 2005).

تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش وارد مبتنی بر مجذور فاصله اقلیدسی، ارقام مورد مطالعه را به سه گروه منتسب کرد که بر این اساس به نظر می‌رسد نمونه‌های مورد آزمایش برای صفات مورد نظر از تنوع بالایی برخوردار نبوده‌اند (شکل ١).

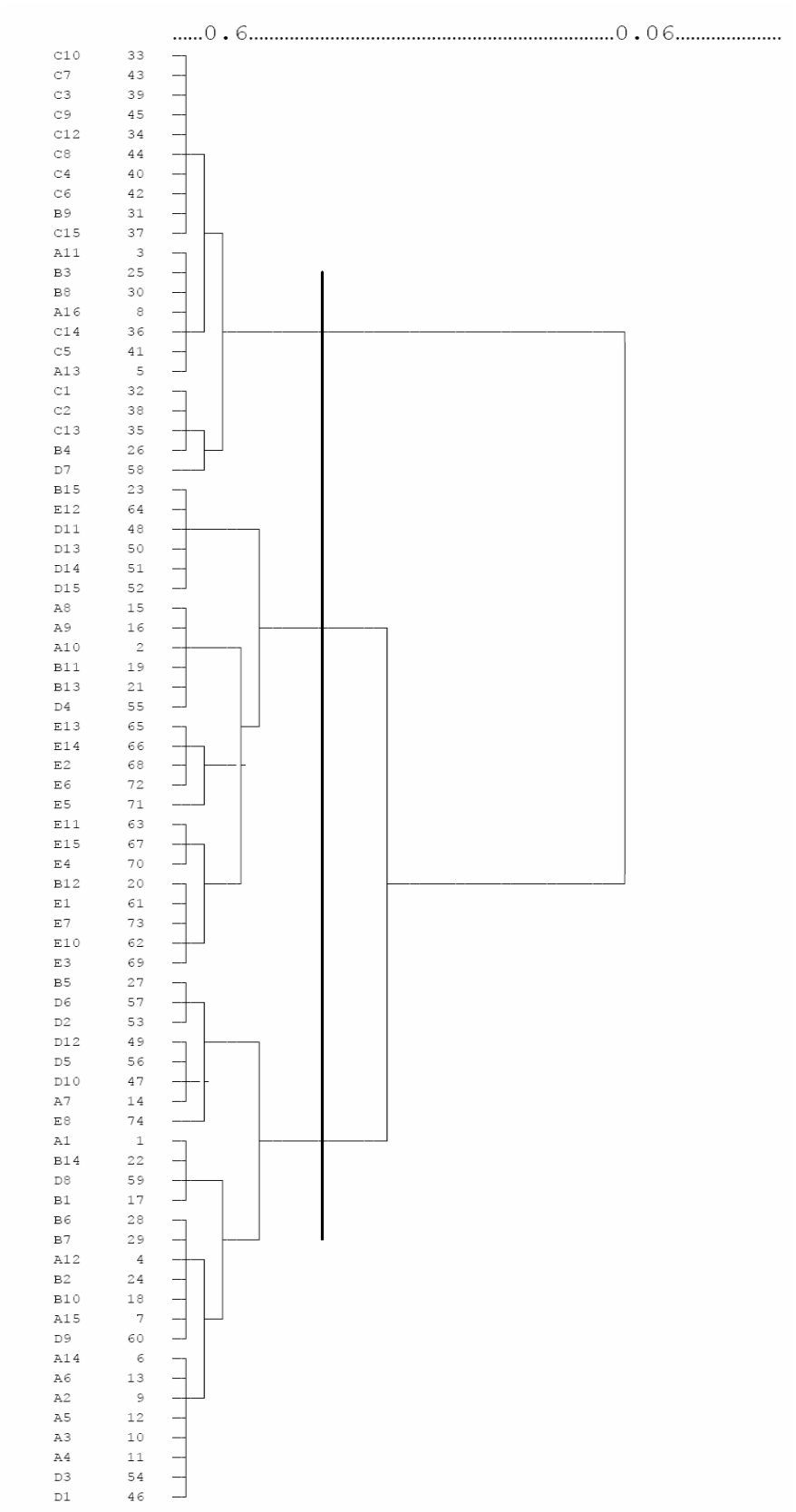
تجزیه خوشه‌ای با استفاده از صفات مهم مربوط به سه مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز نتایج مشابهی داشت که با توجه به معنی‌دار بودن ضریب همبستگی ٨٥ درصد بین ماتریس تشابه تمام صفات و ماتریس تشابه صفات مربوط به ٣ مؤلفه اول، به نظر می‌رسد که از این صفات نیز می‌توان به خوبی جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی استفاده کرد. گروه اول شامل ٢٢ نمونه، گروه دوم ٢٥ و گروه سوم ٢٧ نمونه بودند. گروه دوم و سوم تشابه بیشتری را به لحاظ میانگین صفات مورد مطالعه داشتند .هر کدام از گروه‌ها به زیر گروه‌هایی تقسیم شدند و در هر زیرگروه ژنوتیپ‌های مربوط به یک تیپ رشدی، در مجاورت هم قرار گرفتند. بیشترین پراکندگی و تنوع مربوط به ژنوتیپ‌های گروه A بود که در طول دندروگرام پخش شدند. تمامی ژنوتیپ‌های گروه E ازلحاظ تیپ رشدی با بقیه ارقام یکسان بوده و علی‌رغم طبقه‌بندی آن‌ها در زمره‌ی ارقام زودرس، هیچ‌گونه علائم زودرسی در این ارقام دیده نشد که این وضعیت می‌تواند بر روی بسیاری از خصوصیات مورفولوژیکی این گروه نیز تأثیرگذار باشد به طوری که تفاوتی با بقیه ارقام گروه‌های دیگر نداشته باشند. به نظر می‌رسد که پراکندگی بقیه ارقام در گروه‌های مختلف و عدم تمایز صددرصد آن‌ها نیز به علت شرایط رشدی منطقه مورد مطالعه (گیلان) بوده باشد. به عنوان مثال ژنوتیپ‌های گروه D از ارقام مقاوم به خشکی بودند که قادرند در شرایط تنش خشکی خصوصیات مقاومت به خشکی را بروز دهند، ولی در شرایط آب و هوایی گیلان، از بقیه ارقام گروه‌های دیگر قابل تفکیک نبودند.

میانگین صفات کمی برای سه گروه در جدول ٤ آمده است. گروه‌های دوم و سوم نسبت به گروه اول برای بیشتر صفات میانگین مشابهی دارند.

میانگین تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی ١٩ درصد بود که نسبتاً پایین به نظر می‌رسد و یکی از دلایل احتمالی آن می‌تواند خودباروری بادام‌زمینی باشد (Dwivedi *et al.*, 2001). شاید گزینش در جهت صفات مطلوب اصلاحی نیز از دلایل دیگر باریک شدن اساس تنوع ژنتیکی نمونه‌های مورد مطالعه باشد که در تحقیقات مربوط به پیشگیری از اپیدمی برخی از بیماری‌های مهم بادام‌زمینی حتما بایستی مورد توجه قرار گیرد. دویدی و همکاران (Dwivedi *et al.*, 2001) و همچنین بادیگاناوار و همکاران (Badigannavar *et al.*, 2002) نیز تنوع ژنتیکی نسبتاً پایینی را برای صفات مورفولوژیکی بادام‌زمینی گزارش کردند و گروه‌بندی چندان مشخصی را از دندروگرام حاصله به دست نیاوردند. بیشترین تشابه بین ژنوتیپ‌های C3 - C7 ، C7 - C10 و D5 - D12 بود. کلیه این ژنوتیپ‌ها از گروه‌های رشدی مشابه C و D بودند. تمامی نمونه‌های مربوط به گروه C در گروه اول و کلیه نمونه‌های مربوط به گروه D به جز D7 در گروه دوم و

Archive of SID

www.SID.ir



شکل۱- دندروگرام ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی مورد مطالعه بر اساس روش حداقل واریانس وارد

Fig. 1. Dendrogram for Peanut genotyps based on Ward Least Variance Method

www.SID.ir

جدول ۴- میانگین صفات کمی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی در گروه‌ها

Table 4. Mean of quantitative traits of peanut genotypes in different clusters

Characters	صفات	میانگین کل Grand Mean	میانگین کلاستر اول First cluster Mean	میانگین کلاستر دوم Second cluster Mean	میانگین کلاستر سوم Third cluster Mean
Pod length (cm)	طول غلاف (سانتیمتر)	3.1	3.7	2.8	3
Pod width (cm)	عرض غلاف (سانتیمتر)	1.3	1.6	1.2	1.3
Garin No./ Pod	تعداد دانه در غلاف	1.8	1.8	1.9	1.8
Grain W./Pod W.	نسبت وزن دانه به غلاف	2.5	2.3	2.7	2.5
Grain eight (g)	وزن دانه (گرم)	0.54	0.7	0.44	0.51
Grain length (cm)	طول دانه (سانتیمتر)	1.6	1.8	1.7	1.5
Grain width (cm)	عرض دانه (سانتیمتر)	0.81	0.96	0.67	0.83
Pod No./ Plant	تعداد غلاف در بوته	29	23	32	31
Grain No./ Plant	تعداد دانه در بوته	52	41	61	55
Pod W./Plant (g)	وزن غلاف در بوته (گرم)	17.5	13.6	20	18
Grain W./Plant (g)	وزن دانه در بوته (گرم)	27.5	28	26	28

سوم که تشابه بیشتری داشتند جای گرفتند. به این ترتیب ضمن اینکه دو گروه C و D بیشترین فاصله را از یکدیگر دارند، به نظر می‌رسد که تقسیم‌بندی اولیه ژنوتیپ‌های این دو گروه نیز درست بوده است. ژنوتیپ D7 از لحاظ اکثر صفات مورفولوژیک، متفاوت از بقیه نمونه‌های گروه D بود که دلیلی بر گروه‌بندی جداگانه آن نسبت به سایر ژنوتیپ‌های گروه D است. کمترین تنوع در بین ژنوتیپ‌های گروه C مشاهده شد. احتمالاً با توجه به تشابه بالای نمونه‌های مذکور، ممکن است بیشتر نمونه‌ها تکراری باشند و بایستی از ژرم‌پلاسم حذف شوند. البته انجام آزمایش‌های تکمیلی جهت بررسی تکراری بودن این ارقام با استفاده از نشانگرهای مولکولی ویا اجرای آزمایش در شرایط آب و هوایی دیگر ضروری است. بیشترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های C6-E5 و C7-E5 وجود داشت، بنابراین احتمالاً از این ژنوتیپ‌ها بتوان در برنامه‌های به‌نژادی جهت دورگ‌گیری و اصلاح جمعیت یا به عنوان کاندیدهای والدی جهت تهیه جمعیت‌های درحال تفرق استفاده کرد. تکمیل نتایج آزمایش حاضر با داده‌های حاصل از آزمایش‌های مولکولی که در دست اجرا است، برای تفکیک و تمایز بهتر نمونه‌های موجود در ژرم‌پلاسم بادام‌زمینی و تعیین والدین مناسب برای برنامه‌های دورگ‌گیری ضروری است.

سپاسگزاری

نگارندگان مراتب تقدیر و تشکر خود را از حوزه معاونت پژوهشی دانشگاه گیلان و معاونت پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان که اعتبارات لازم برای اجرای این پروژه را تأمین کردند و بانک ژن گیاهی ملی ایران که نمونه‌های بادام‌زمینی را در اختیار گذاشتند، اعلام می‌نمایند.

منابع مورد استفاده

References

احمدی، م. ر. ۱۳۶۱ و ۱۳۶۲. گزارش بررسی بادام‌زمینی، بخش دانه‌های روغنی. مؤسسه‌ی تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج.

ناصری، ف. ۱۳۷۰. دانه‌های روغنی (ترجمه). انتشارات آستان قدس رضوی. ۸۲۳ صفحه.

Archive of SID

www.SID.ir

Badigannavar, A. M., D. M. Kale and G. S. S. Murty. 2002. Genetic base and diversity in groundnut genotypes. Plant Breeding. 121: 348-355.

Dwivedi, S. L., S. Gurtu, S. Chandra, W. Yuejin and S. N. Nigam. 2001. Assessment of genetic diversity among selected groundnut germplasm. I: RAPD analysis. Plant Breeding. 120: 345-349.

Foundra, M. Z., M. Hernandez, R. Lopez, L. Fernandez, A. Sanchez, J. Lopez and I. Ravelo. 2000. Analysis of the variability in collected peanut (*Arachis hypogea* L.) cultivars for the establishment of core collections. PGR Newsletter. 137: 9-13.

Halbrook Corley, C. and W. Dong. 2005. Development and evaluation of a minicore collection for the U.S. peanut germplasm collection. Crop Sci. 45: 1540-1544.

Harch, B. D., K. E. Basford, I. H. DeLacy, P. K. Lawrence and A. Gruickshank. 1996. Mixed data types and the use of pattern analysis on the Australian groundnut germplasm data. Genetic Resources and Crop Evolution. 43: 363-367

Harch, B. D., K. E. Basford, I. H. DeLacy and P. K. Lawrence. 1997. The analysis of large scale data taken from the world groundnut (*Arachis hypogea* L.) germplasm collection,I. Two-way quantitative data. Euphytica. 95: 27-38.

Hilu, K. W. and H. T. Stalker. 1995. Genetic relationships between peanut and wild species of *Arachis* sect. *Arachis*(*Fabacea*): Evidence from RAPDs. Plant Systematic and Evolution. 198: 167-178.

Singh, K. A., P. Subrahamanyam and S. Gurtu. 1995. Variation in a wild groundnut species, *Arachis duranensis,* Krapov. and W.C. Gregory. Genetic Resources and Crop Evolution. 3: 135-142.

Soomro, B. and A. S. larik. 1981. Inheritance and correlation of pod and seed characters in peanuts. Genetica Agraria. 35: 263-264.

Upadhyaya, H. D., R. Ortiz, P. J. Bramel and S. Singh. 2003. Development of a groundnut core collection using taxonomical, geographical and morphological descriptors. Genetic resources and crop evolution. 50: 139-148.

Varisai-Muhammad, S., T. Ramanathan and M. Ramachandran. 1975. Variation in pod weight of *Arachis hypogaea*. Plant Breeding Abstracts. 45: 378.

Archive of SID

www.SID.ir

Assessment of genetic diversity in groundnut (*Arachis hypogea* L.) germplasm using morphological traits

Aalami[1], A., M. Esfahani[2], B. Abdullahi Mandolakani[3] and J. Mozaffari[4]

ABSTRACT

Aalami, A., M. Esfahani, B. Abdullahi Mandolakani and J. Mozaffari. 2007. Assessment of genetic diversity in groundnut (*Arachis hypogea* L.) germplasm using morphological traits. Iranian Journal of Crop Sciences. 8 (4): 357-367.

A field experiment carried out to evaluate genetic diversity in 76 peanut accessions (*Arachis hypogea*), obtained from National Plant Gene Bank of Iran, in the faculty of Agriculture, the University of Guilan, Rasht, Iran. Eleventh major morphological traits were recorded using ICRISAT Peanut Descriptor during 2002 growing season using a Randomized Complete Block Design (RCBD) with two replications. Application of Pearson correlation indicated that seed length, seed width, pod length and width had a direct positive relation to seed weight ($P \leq 0.01$). In addition, the number of pods per plant had a positive correlation with number of seeds per plant and pod weight ($P \leq 0.01$). Three components derived from principal component analysis accounted for nearly 72% of whole variability in the evaluated germplasm, defined by number of seeds per plant , pod weight, seed length, seed width, seed weight, number of pods per plant, pod width and pod length. The accessions were divided to three groups by cluster analysis based on Ward method using Squared Euclidian distance coefficient . The studied accessions showed high similarity (0.19), therefore, broadening genetic base of peanut germplasm and use of molecular markers could be suggested in order to complete the morphological traits-based classification and evaluation of genetic diversity in peanut germplasm.

Key words: Ground nut, Genetic diversity, Morphological traits, Cluster analysis, Squared Euclidian Distance Coefficient.

Archive of SID

Received: September, 2006

1- Faculty member, Faculty of Agricultural Sceince, Guilan University, Rasht, Iran.
2- Faculty member, Faculty of Agricultural Sceince, Guilan Univeersity, Rasht, Iran. (Corresponding author)
3- Ph. D. Student, Faculty of Agriculture the University of Tehran/ Karaj, Iran.
4- Faculty member, Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran.

www.SID.ir