



Investigating the Genetic Diversity of Fruit Traits and Their Relationship with Molecular Markers in Olive Genotypes

Ali Tanhaei¹ , Ahmad Reza Dadras² , Hossein Sabouri³ , Ebrahim Gholamalipour Alamdari⁴ , Sayed Javad Sajadi⁵ , Hossein Hosseini Moghaddam⁶

1. Department of Plant Production, College of Agriculture Science and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Golestan, Iran. Email: tanhaee.ali17@gmail.com
2. Corresponding Author, Olive Research Station of Tarom, Crop and Horticultural Science Research Department, Zanjan, Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Tarom, Zanjan, Iran. Email: a.dadras@areeo.ac.ir; a.dadras@yahoo.com
3. Department of Plant Production, College of Agriculture Science and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Golestan, Iran. Email: hos.sabouri@gmail.com
4. Department of Plant Production, College of Agriculture and Natural Resources of Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Golestan, Iran. Email: eg.alamdari@gmail.com
5. Department of Department of Plant Production, College of Agriculture Science and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Golestan, Iran. Email: javadsajadi@gmail.com
6. Department of Department of Plant Production, College of Agriculture Science and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Golestan, Iran. Email: hbm548@yahoo.com

Article Info	ABSTRACT
Article type: Research Article Article history: Received: 9 September 2024 Received in revised form: 13 December 2024 Accepted: 1 January 2025 Published online: Spring 2025 Keywords: <i>Association analysis,</i> <i>Phenotypic diversity,</i> <i>Regression,</i> <i>DNA markers.</i>	This research was conducted to investigate the genetic diversity and the relationship between molecular markers and fruit-related traits in 98 olive genotypes during 2019-2021 at Gonbadkavous University. Nineteen growth and morphological traits of 150 olive fruits associated with each genotype were assessed. All the investigated traits showed significant differences among olive genotypes at the 1% probability level, indicating a high level of genetic diversity among the genotypes. Mean comparisons showed that 'Caridolia' and 'D1' genotypes exhibited greater fruit length and diameter, while 'D1' genotype also demonstrated superiority in fruit weight, fruit flesh weight, and stone weight. The 'Amygdalolia' genotype showed the greater stone length. The most significant positive correlations were observed between fruit length and diameter (0.909*), as well as between fruit flesh weight and fruit weight (0.994*). The results of regression analysis demonstrated that fruit flesh weight and stone weight had the strongest correlation with fruit weight at a 1% probability level. Additionally, fruit weight, flesh-to-stone ratio, fruit diameter, and flesh thickness were found to be most closely associated with the weight of the fruit. According to the results of cluster analysis, genotypes were classified into four distinct groups based on their fruit characteristics, with the third group demonstrating superiority in the majority of these traits. The results of association analysis involving CAAT, ScoT, ITS, and IJS markers in relation to the studied traits revealed that multiple alleles are responsible for controlling fruit length, fruit symmetry, nipple, stone shape, number of grooves, and stone weight. Among these traits, fruit symmetry, nipple, and number of grooves had the highest cumulative coefficient of determination. The allele SCoT21-B showed the strongest association with nine traits, followed by the allele IJS9-A with five traits. The findings from this research can be utilized in breeding programs to develop olive cultivars that show improved yield.

Cite this article: Tanhaei, A., Dadras, A. R., Sabouri, H., Gholamalipour Alamdari, E., Sajadi, S. J. & Hosseini Moghaddam, H. (2025). Investigating the Genetic Diversity of Fruit Traits and Their Relationship with Molecular Markers in Olive Genotypes. *Iranian Journal of Horticultural Science*, 56 (1), 179-203. DOI: <https://doi.org/10.22059/ijhs.2025.382119.2207>



Extended Abstract

Introduction

The Olive tree (*Olea europaea* L.) is among the oldest cultivated plants found in the Mediterranean region. Owing to scientific progress and heightened awareness, the consumption of olives has grown significantly. Olive oil, which is rich in oleic acid, is esteemed for its therapeutic and medicinal properties. In Iran, olives are particularly important due to their high oil content. Understanding different genotypes and their relationships are crucial for genetic studies, and this requires examining both morphological and employing molecular markers. Morphological traits, such as fruit characteristics, are crucial as they reflect the genetic makeup of the plant and its interaction with the environment. Molecular markers, which can be easily measured, are also powerful tools for identifying genotypes and assessing genetic diversity. This study explored the extent of genetic diversity in a large collection of olive germplasm utilizing morphological characteristics of fruit and molecular markers. The findings of this study could be valuable for olive breeding programs, helping to select parent plants with desirable traits for improved yield, quality, and disease resistance.

Materials and Methods

A total of 89 olive genotypes cultivated in Tarem Olive Research Station of Zanjan Province, Iran were analyzed in this study during 2019-2021. To evaluate the characteristics of fruit length, fruit diameter, fruit symmetry, fruit shape, position of maximum diameter, fruit apex, nipple, presence of lenticels, size of lenticels, site of color change initiation, flesh thickness, flesh-to-stone ratio, stone length, stone shape, number of grooves, stone apex, fruit weight, fruit flesh weight, and stone weight, the sum of 150 fruits from each genotype were selected. For the purpose of molecular analysis, fresh and young leaves of olive trees were collected for DNA extraction. The leaves were powdered with the aid of liquid nitrogen and extracted using the CTAB method. The quality of DNA was assessed through horizontal electrophoresis with 0.8% agarose gel. PCR reactions were performed using CAAT, ScoT, ITS, and IJS markers. SPSS software version 24 was used to analyze the relationship between morphological traits and the analysis between morphological and molecular traits.

Results and Discussion

All the investigated traits showed significant differences among olive genotypes at the 1% probability level, indicating very high genetic diversity among the genotypes. The results of mean comparisons showed that "Caridolia" and "D1" genotypes demonstrated the greatest fruit length and diameter, while 'D1' also excelled in fruit weight, fruit flesh weight, and stone weight. The 'Amygdalolia' genotype had the longest stone length. The highest significant positive correlations were observed between fruit length and diameter (0.909*), as well as between fruit flesh weight and fruit weight (0.994*). Additionally, there was a positive and significant correlation between fruit weight and stone weight (0.842) at the 1% probability level. The finding of regression analysis, considering fruit weight as the dependent variable and other traits as independent variables, showed that fruit flesh weight and stone weight had the highest correlation with fruit weight at the 1% probability level. Furthermore, fruit weight, flesh-to-stone ratio, fruit diameter, and flesh thickness were most related to fruit weight. Cluster analysis divided the genotypes into four groups based on fruit traits, with the third group being superior in traits such as fruit length, stone length, fruit weight, fruit flesh weight, stone weight, fruit diameter, flesh thickness, flesh-to-stone ratio, size of lenticels, and number of grooves. Association analysis between molecular markers and various traits revealed that fruit length, fruit symmetry, nipple, stone shape, number of grooves, and stone weight were controlled by multiple alleles. Among these traits, fruit symmetry, nipple, and number of grooves had the highest cumulative coefficient of determination. The strongest association of the alleles to traits was obtained from allele SCoT21-B and IJS9-A with nine five traits, respectively.

Conclusion

This study revealed significant genetic diversity among olive genotypes, with 'Caridolia' and D1 genotypes showing superior fruit traits. Strong correlations were found between key traits, and regression analysis highlighted fruit flesh weight and stone weight as major factors influencing fruit weight. Molecular marker analysis identified important alleles, with SCoT21-B showing the strongest association with multiple traits. These findings are valuable for breeding programs aimed at improving olive cultivars.

Author contributions

A.R. Dadars and H. Sabouri carried out the planning and design of the experiment. Experimental sample collection was carried out by A.R. Dadars. A. Tanhaei conducted the experiments. A.R. Dadars, H. Saboor, and S.J. Sajadi analyzed the data. A. Tanhaei, H. Sabouri, and A.R. Dadars wrote the initial draft of the manuscript. A.R. Dadars, H. Sabouri, and S.J. Sajadi contributed to the interpretation of the results. All authors

provided critical feedback and made significant contributions throughout all stages of the research, data analysis, and manuscript completion.

Data availability statement

Data available on request from the authors

Acknowledgements

The authors would like to express their gratitude and appreciation to the Olive Research Station of Tarom County and the Agricultural Research Center of Zanzan Province for their collaboration in providing the plant materials for the present research.

Ethical considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and misconduct.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.



بررسی تنوع ژنتیکی صفات میوه و ارتباط آنها با نشانگرهای مولکولی در ژنوتیپ‌های زیتون

علی تنهائی^۱ | احمد رضا دادرسی^۲ | حسین صبوری^۳ | ابراهیم غلامعلی پور علمداری^۴ | سید جواد سجادی^۵ | حسین حسینی مقدم^۶

۱. گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، گلستان، ایران. رایانامه: tanhaee.ali17@gmail.com
۲. نویسنده مسئول، ایستگاه تحقیقات زیتون طارم بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان زنجان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، طارم، زنجان، ایران. رایانامه: a.dadras@areeo.ac.ir; a.dadras@yahoo.com
۳. گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، گلستان، ایران. رایانامه: hos.sabouri@gmail.com
۴. گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، گلستان، ایران. رایانامه: eg.alamdari@gmail.com
۵. گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، گلستان، ایران. رایانامه: javadhajadi@gmail.com
۶. گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، گلستان، ایران. رایانامه: hhm548@yahoo.com

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: این پژوهش به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ارتباط بین نشانگرهای مولکولی با صفات میوه در ۹۸ ژنوتیپ زیتون در سال ۱۴۰۰-۱۳۹۹ در دانشگاه گنبد کاووس انجام شد. تعداد ۱۹ صفت رشدی و مورفولوژیک در ۱۵۰ میوه از هر ژنوتیپ مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی دار بودند، که نشاندهنده تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌ها است. مقایسه میانگین‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های 'کاریدولیا' و 'D1' از نظر صفات طول و قطر میوه و ژنوتیپ 'D1' از نظر صفات وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته برتر بودند. ژنوتیپ 'امیگدالولیا' نیز طول هسته بیشتری داشت. بیشترین همبستگی مثبت معنی دار در سطح یک درصد بین صفات طول و قطر میوه (۰/۹۰۹)، همچنین صفات وزن گوشت میوه با وزن میوه (۰/۹۹۴) مشاهده شد. نتایج تجزیه رگرسیون نشان داد که وزن گوشت میوه و وزن هسته بیشترین ارتباط را با وزن میوه دارند. براساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه تقسیم شدند که گروه سوم از نظر اکثر صفات برتر بود. نتایج تجزیه ارتباطی بین نشانگرهای ITS، SCoT، CAAT و IJS و صفات مورد بررسی نشان داد که صفات طول میوه، تقارن میوه، پستانک، شکل هسته، تعداد شیار و وزن هسته توسط تعداد آلل بیشتری کنترل می‌شوند و صفات تقارن میوه، پستانک و تعداد شیار بیشترین ضریب تبیین تجمعی را داشتند. بیشترین پیوستگی را آلل SCOT21-B با نه صفت و آلل IJS9-A با پنج صفت داشتند. نتایج این پژوهش می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی مولکولی بلندمدت و توسعه ارقام زیتون با عملکرد بالاتر مورد استفاده قرار گیرد.	کلیدواژه‌ها: تجزیه ارتباط، تنوع فنوتیپی، رگرسیون، نشانگرهای DNA

استناد: تنهائی، علی؛ دادرسی، احمد رضا؛ صبوری، حسین؛ غلامعلی پور علمداری، ابراهیم؛ سجادی، سید جواد و حسینی مقدم، حسین (۱۴۰۴). بررسی تنوع ژنتیکی صفات میوه و ارتباط آنها با نشانگرهای مولکولی در ژنوتیپ‌های زیتون. نشریه علوم باغبانی ایران، ۵۶ (۱)، ۱۷۹-۲۰۳. DOI: <https://doi.org/10.22059/ijhs.2025.382119.2207>



© نویسندگان.

DOI: <https://doi.org/10.22059/ijhs.2025.382119.2207>

ناشر: مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران.

مقدمه

زیتون (*Olea europaea* L.) یکی از قدیمی‌ترین گیاهان در حوزه مدیترانه بوده که با پیشرفت علم و آگاهی بیشتر در مورد این میوه، مصرف آن گسترش چشم‌گیری داشته است. روغن زیتون به دلیل بالا بودن سطح اسید اولئیک بسیار مفید و مورد توجه می‌باشد (گل‌محمدی و همکاران، ۱۳۹۷). زیتون با توجه به اهمیت فراوان در اقتصاد در ۷۹ منطقه جهان کشت می‌شود و در ۲۴ کشور حدود ۱۲۰۰ رقم از آن وجود دارد. بنابراین حفظ ذخائر ژنتیکی در جهت اصلاح و توسعه صنعت زیتون بسیار حائز اهمیت است (ابراهیم نیا و همکاران، ۱۳۹۸).

کشت زیتون در شهرستان طارم در استان زنجان، به دلیل وجود شرایط محیطی و آب و هوای مناسب، بسیار رونق یافته است. رشد و نمو درخت زیتون به شدت تحت تاثیر دما بوده و تنظیم گلدهی و میوه‌دهی آن بر اساس میزان دما صورت می‌گیرد (تقی‌زاده و همکاران، ۱۳۹۹). استان‌های زنجان، قزوین، گیلان و گلستان از استان‌های برتر تولید کننده زیتون در سطح کشور به شمار می‌آیند. زیتون با داشتن ویژگی‌هایی مانند مقاومت نسبت به شرایط سخت محیطی و سازگاری با خاک‌های خشک و شور، و همچنین داشتن درصد روغن بالا و خوراکی بودن دارای اهمیت زیادی است (سیستانی و همکاران، ۱۳۹۱).

زیتون به دلیل داشتن خواص درمانی و دارویی، همچنین داشتن درصد بالای روغن در سطح دنیا و ایران بسیار حائز اهمیت می‌باشد (متقی و همکاران، ۱۳۹۱). در صنعت زیتون شناسایی و شناخت ژنوتیپ‌های مختلف و بررسی روابط ژنتیکی آنها در برنامه‌های اصلاح زیتون در جهت بهبود کیفیت و افزایش میزان روغن بسیار ضروری است. از جهت دیگر انتخاب والدین در برنامه اصلاحی درختان زیتون با توجه به وجود اختلاف بین ژنوتیپ و فنوتیپ درختان امر مهمی است (Milotic et al., 2005). عدم وجود فرسایش ژنتیکی در زیتون نیز سبب شده است که برنامه‌های اصلاحی این گیاه بسیار مورد توجه قرارگیرد (عبادی و همکاران، ۱۳۹۷).

با توجه به تعداد زیاد ارقام گیاهی در سراسر جهان، شناسایی صفات و ویژگی‌های مورفولوژیکی آنها نیازمند روشی قدرتمند و کارآمد در تجزیه و تحلیل داده‌ها است تا بتوان منابع ژنتیکی را به‌خوبی حفظ کرد و استراتژی‌های مناسبی برای توسعه آنها طراحی نمود (Abdelhamid et al., 2011). اگرچه تنوع مورفولوژیک حاصل اثر متقابل ژنتیک و محیط است، تحلیل صفات ریخت شناسی گام مهمی در راستای بررسی تنوع ژنتیکی محسوب می‌شود (سیستانی و همکاران، ۱۳۹۱). به منظور حفظ ذخائر ژنتیکی، بررسی تنوع ژنتیکی آنها بسیار ضروری می‌باشد. وجود تنوع ژنتیکی باعث ایجاد ژنوتیپ‌های متنوع، با کیفیت و عملکرد بالاتر و سازگار با شرایط محیطی می‌شود. هر چقدر تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌ها بیشتر باشد، تعداد آلل‌هایی که باعث افزایش تداوم و مقاومت به شرایط محیطی هستند بیشتر خواهد بود (Albertini et al., 2011).

توصیف ساختار ژنتیکی و انجام مطالعات مولکولی در جهت شناسایی ژنوتیپ‌های مختلف زیتون مستلزم استفاده از نشانگرهای قدرتمند مولکولی می‌باشد (Omran-Sabbaghi et al., 2007). نشانگر CAAT از نشانگرهای مولکولی قدرتمند نشانگر CDBP می‌باشد که می‌تواند ژن‌ها را مورد هدف قرار دهد. آغازگرهای این نشانگر از جعبه CAAT ناحیه پیش‌برنده ژن‌ها طراحی شده است (Singh et al., 2014). نشانگر SCoT یکی از نشانگرهای جدید است که مبتنی بر واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز طراحی شده است. طراحی این نشانگر بر اساس نواحی حفاظت‌شده کدون آغازگر ATG طراحی شده است. برای شناسایی تنوع توالی در نواحی بین‌رمزها، از یک سیستم آغازگر با طول ۱۸ نوکلئوتید استفاده شده است، از مزایای این نوع نشانگرها تکرارپذیری بسیار بالا و عدم نیاز به داشتن اطلاعات ژنوم گیاه برای ساخت توالی آنها است (Collard and Mackill, 2009). نشانگر ITS یک نشانگر مولکولی پرکاربرد در مطالعات فیلوژنتیک است که به دلیل تنوع بالای آن در میان گونه‌ها، به ویژه برای تمایز بین موجودات نزدیک به هم بسیار کارا است. این ناحیه به دلیل قرار گرفتن بین توالی‌های محافظت‌شده، به راحتی قابل توالی‌یابی است. این نشانگر در درک تنوع ژنتیکی و روابط تکاملی در مطالعات زیادی مورد استفاده قرار گرفته است (Ramesh et al., 2011).

(*al.*, 2020). نشانگرهای ISJ، نشانگرهای نیمه تصادفی با توالی‌های ۹ تا ۱۸ نوکلئوتیدی هستند که بر اساس نواحی برش اتصال اگزون-اینترون به دو گروه تقسیم می‌شوند. معمولاً آغازگرهای ISJ توالی‌هایی با تعداد نوکلئوتید متفاوت داشته که تعدادی از این نشانگرها نواحی غیر کدکننده اینترونی و برخی دیگر نواحی کدکننده اگزونی را تکثیر می‌کنند (Rafalski, et al., 1997). در گذشته فقط از صفات ریخت شناسی، در جهت شناسایی ارقام استفاده می‌شد، اما در حال حاضر در کنار اندازه‌گیری صفات ریخت شناسی اصالت و هویت ژنتیکی ارقام به وسیله روش‌های نوین زیست فناوری در سطح ژنوتیپ گیاه صورت می‌گیرد (مردی و همکاران، ۱۳۹۵).

پیشینه پژوهش

با توجه به اهمیت بررسی صفات ریخت شناسی زیتون در جهت حفظ ذخائر ژنتیکی و تنوع ژنتیکی، مطالعات زیادی در این زمینه به انجام رسیده است. در پژوهشی تنوع ژنتیکی ۲۹ رقم زیتون در ایستگاه تحقیقات زیتون طارم با استفاده از ۱۰ نشانگر ریزماهواره، بررسی شد، نتایج نشان داد که همه نشانگرها در جداسازی ارقام زیتون مؤثر بوده بودند اما نشانگرهای UBC 855 و UBC 825 کارایی بیشتری داشتند. بر این اساس ارقام زیتون در سه گروه اصلی جای گرفتند. ارقام ایتالیا، اسپانیا و یونان در یک گروه و ارقام زیتون مدیترانه براساس منطقه جغرافیایی آن‌ها در دو گروه اصلی شامل غرب و مرکز و همچنین شرق مدیترانه قرار گرفتند (Ghanbari et al., 2019).

نتایج بررسی تنوع ژنتیکی در ۳۰ ژنوتیپ مختلف زیتون منطقه گرگان نشان داد که تنوع ژنتیکی بسیار بالایی از نظر صفات اندازه‌گیری شده در سطح احتمال یک درصد در بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد. همچنین بین صفت وزن هسته و قطر هسته همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود داشت (ابراهیم نیا و همکاران، ۱۳۹۸).

در تحقیق دیگری روی ۳۰ ژنوتیپ زیتون، زمانی که صفت درصد روغن به عنوان متغیر وابسته و بقیه صفات به عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شد، صفات زمان تغییر رنگ و رسیدن میوه بیشترین تاثیر را روی درصد روغن داشتند. همچنین، خصوصیات گل و درصد گل نیز بیشترین تاثیر را بر عملکرد داشتند (عبادی و همکاران، ۱۳۹۷).

بررسی تنوع ژنتیکی ارقام زیتون در استان قم نیز با استفاده از دو رقم مقاوم به شرایط محیطی و سرما و پنج رقم تجاری بیانگر وجود تنوع ژنتیکی مثبت و معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد بین ژنوتیپ‌ها بود. همچنین، مقایسه میانگین صفات نشان دهند تمایز ژنوتیپ‌های فدک و طوبی از سایر ژنوتیپ‌ها بود. تجزیه به مولفه‌های اصلی نیز ژنوتیپ‌های تجاری را از دو ژنوتیپ مقاوم به سرما جدا نمود (حسینی قیداری و طاهرزاد، ۱۳۹۸).

در بررسی تنوع ژنتیکی ۵۰ ژنوتیپ از ژنوتیپ‌های زیتون استان خوزستان با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیک شامل صفات میوه، هسته و برگ، نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که ۱۲ مؤلفه در مجموع ۷۸/۷ درصد از واریانس کل صفات را توجیه کردند. در مؤلفه اول، صفات مقدار ۱۳/۴۲ درصد از واریانس کل را توجیه کردند که صفاتی نظیر طول میوه، عرض میوه، وزن میوه، شکل هسته، عرض هسته، طول هسته، تعداد شیار و طول برگ بیشترین ضریب را داشتند. در تفکیک ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی، مهم‌ترین صفات نظیر طول و عرض میوه، هسته و برگ، شکل هسته و برگ، خمش برگ، تعداد شیار هسته، قاعده میوه در موقعیت A، وزن هسته، سطح هسته در موقعیت B، تقارن هسته در موقعیت A، اندازه عدسک روی میوه، توزیع شیار روی هسته و تقارن هسته در موقعیت B در گروه‌بندی ارقام تاثیر گذار بودند (صفی‌پور و همکاران، ۱۴۰۰). موقعیت 'A' حالتی است که میوه بین دو انگشت نشانه و شصت نگه داشته شود و در این حالت بیشترین عدم تقارن را نشان دهد و اگر از حالت 'A' ۹۰ درجه بچرخد به موقعیت 'B' می‌رسد (International olive oil council, 2000).

در بررسی تنوع ژنتیکی ۳۰ رقم زیتون در جنوب ایتالیا و ارتباط بین نشانگرها و صفات مورد بررسی، نتایج بیانگر این بود که نشانگرهای UDO43 و DCA16 پتانسیل بالایی در بررسی و شناسایی صفات مورد نظر داشتند (Alba et al., 2009). در ترکیه برای بررسی تنوع ژنتیکی و روابط بین نشانگرها با صفات مورد بررسی پژوهشی را با استفاده از هفت آغازگر SSR (DCA-4, DCA-09, DCA-11, DCA-16, DCA-17, DCA-89, GAPU-89, UDO-14) انجام دادند. تعداد ال‌ آغازگرها

از ۳ (DCA-04 و DCA-17) تا ۶ (DCA-11, DCA 16, GAPU-89)، با میانگین ۴/۷۵ آلل در هر آغازگر متغیر بود. تجزیه و تحلیل خوشه ای UPGMA ارقام را به دو خوشه اصلی تقسیم‌بندی کردند. نتایج نشان دهنده کارایی نشانگر SSR برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در زیتون و شناسایی ژنوتیپ‌ها بود (Ercisli et al., 2011)

مطالعه تنوع ژنتیکی با استفاده از تکنیک RAPD در مجموعه‌ای از ۱۰۳ رقم زیتون از بانک جهانی ژرم پلاسما^۱ در کوردوبا (اسپانیا) انجام شد. ۱۲۶ نوار چندشکل از ۲۱ آغازگر مورد استفاده به دست آمدند. تعداد نوارها در هر پرایمر از ۴ تا ۱۱ و تعداد نوارهای چندشکل از ۳ تا ۱۰ متغیر بودند. دندروگرام مبتنی بر تجزیه و تحلیل خوشه‌ای با استفاده از شاخص جاکارد ژنوتیپ‌ها را به سه گروه اصلی بر اساس منشأ آنها تقسیم‌بندی کرد. ارقام مناطق مدیترانه شرقی و مرکزی در گروه اول، برخی از ارقام ایتالیایی و اسپانیایی در گروه دوم و ارقام منطقه مدیترانه غربی در گروه سوم جا گرفتند. همچنین در این پژوهش الگوی تنوع ژنتیکی بین ارقام زیتون از سه منطقه مختلف مدیترانه ای (غربی، مرکزی و شرقی) با استفاده از آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. بیشترین تنوع ژنتیکی به تفاوت ارقام در مناطق مدیترانه‌ای (۸۶/۹۶ درصد) نسبت داده شد (Belaj et al., 2002).

در یک برنامه‌های به‌نژادی با جمع آوری ژرم پلاسما زیتون و بررسی ویژگی‌های مورفولوژی و رویشی میوه و هسته ژنوتیپ‌ها در هفت گروه قرار گرفتند. از بین ژنوتیپ‌های گردآوری شده از سطح استان خوزستان، ارقام دزفول، ماوی و کیوپ به دلیل سازگاری با اقلیم منطقه، داشتن عملکرد قابل قبول و تحمل شرایط کم آبی برای استفاده در برنامه به‌نژادی مناطق گرم جنوب کشور توصیه شدند (عجم‌گرد و زینالو، ۱۳۹۲).

بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در زیتون به منظور اصلاح و تولید ارقام دارای روغن با کیفیت بهتر و مقاوم به شرایط محیطی، یک فرآیند چندمرحله‌ای و پیچیده است که نیازمند توجه به چندین جنبه کلیدی از جمله تحلیل تنوع ژنتیکی، اصلاح و تولید ارقام جدید و مقاومت به شرایط محیطی می‌باشد. چندین مطالعه روی ژنوتیپ‌های زیتون در ایران انجام گرفته است اما در بیشتر پژوهش‌ها تعداد ژنوتیپ‌ها محدود بوده است. در این پژوهش تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما وسیع زیتون، از نظر صفات ریخت‌شناسی میوه و هسته زیتون با استفاده از نشانگرهای مولکولی مورد ارزیابی قرار گرفت.

روش‌شناسی پژوهش

در این پژوهش ۹۸ ژنوتیپ زیتون (جدول ۱) تهیه شده از ایستگاه تحقیقات زیتون طارم استان زنجان در دانشگاه گنبد کاووس مورد بررسی قرار گرفت. جهت بررسی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها و بررسی تجزیه ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و صفات، از هر ژنوتیپ ۱۵۰ عدد میوه به صورت سه مجموعه ۵۰ تایی به عنوان سه تکرار به طور تصادفی انتخاب شد و صفات طول میوه، قطر میوه، تقارن میوه، شکل میوه، بیشترین قطر عرضی میوه، نوک میوه، پستانک، تعداد عدسک، اندازه عدسک، محل شروع تغییر رنگ، ضخامت گوشت میوه، نسبت گوشت به هسته، طول هسته، شکل هسته، تعداد شیار، نوک هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته بر اساس دستورالعمل شورای بین المللی زیتون (IOC) (International olive oil council, 2000) مورد ارزیابی قرار گرفت. صفات وزنی با استفاده از ترازو ۰/۰۱ بر حسب گرم و صفات مربوط به طول و ضخامت با استفاده از کولیس دیجیتال بر حسب میلی‌متر اندازه گیری شد. صفت نسبت گوشت به هسته از حاصل تقسیم وزن گوشت میوه به هسته به دست آمد. سایر صفات بر اساس دستورالعمل شورای بین المللی زیتون کد دهی و ثبت گردید (جدول ۲ و شکل ۱ و ۲).

1 Centro de Investigación y Formación Agraria (CIFA) Alameda del Obispo

2 Analysis of Molecular Variance

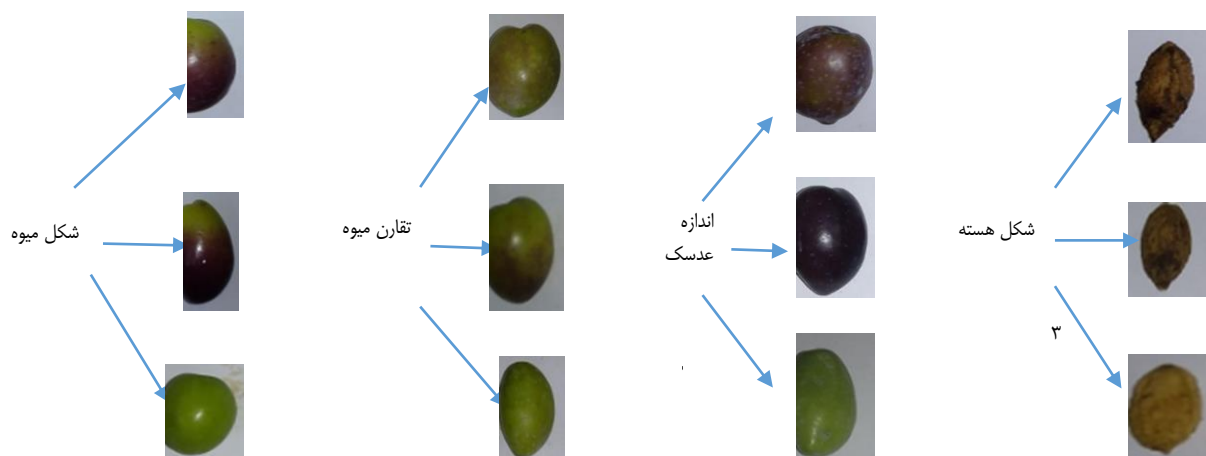
3 International of Olive Oil Council

جدول ۱. فهرست ارقام و ژنوتیپ‌های زیتون بررسی شده در این پژوهش

ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ
Ds14	۹۱	takham kabki	۶۷	Cornicabra	۴۳	Hamed	۲۱	Mosabi	۱
Ds17	۹۲	Svilana	۶۸	Zard gololeh	۴۴	Koroneiki	۲۳	Caridolia	۲
Zagros	۹۳	D1	۶۹	Souri	۴۵	Leccino	۲۴	Corfolia	۳
KH-10	۹۴	Amficus Rudbar Fishimi Rudbar	۷۰	Frantoio	۴۶	Amygdalolia	۲۵	Baladi	۴
KH-13	۹۵	Ozine 2	۷۱	Cipressino	۴۷	Arbequina	۲۶	Oblonga	۵
T-H2	۹۶	Ozine 3	۷۲	Piramidial	۴۸	Konservolia	۲۷	Kalamon	۶
T-H4	۹۷	Tuscastan	۷۳	Dakal	۴۹	Mission	۲۸	Cailletier	۷
T1	۱۰۰	Gorgan 3	۷۴	Coratina	۵۰	Valanolia	۲۹	Manzanilla F	۸
T2	۱۰۱	KH-BA	۷۵	Dezful	۵۱	Grossane	۳۰	Mavi	۹
T6	۱۰۳	T-MO1	۸۰	Manzanilla	۵۴	Lucques	۳۱	Dan	۱۰
T7	۱۰۴	T-MO3	۸۱	Clonavis	۵۵	Toffahi	۳۲	Jlot	۱۱
T9	۱۰۵	T-MO4	۸۲	Gordal	۵۶	Kaissy	۳۳	Khodeiri	۱۲
T10	۱۰۶	T-MO12	۸۳	Agromanaki	۵۸	Sorani	۳۴	Verdial de Jaén	۱۳
T14	۱۰۹	Tmn2	۸۴	Tiaiki	۶۰	Doebli	۳۵	Piculin	۱۴
T17	۱۱۲	QG3	۸۵	Patrini	۶۱	Abou-satl	۳۶	Nabali	۱۵
T19	۱۱۴	QG8	۸۶	Chalkidikis	۶۲	Picual	۳۷	Voliotiki	۱۶
T21	۱۱۶	Bn1	۸۷	Direh	۶۳	Picudo	۳۸	Zard	۱۷
T23	۱۱۸	Bm5	۸۸	Amin	۶۴	Manzanilla de sevilla	۳۹	Rowghani	۱۸
			۸۹	Meshkat	۶۵	Manzanilla Cacerena	۴۰	Mari	۱۹
		Ds7	۹۰	Derak	۶۶	Lechin de granada	۴۲	Shengeh	۲۰

جدول ۲. کدهای اختصاص یافته به میوه‌ها بر اساس دستورالعمل شورای بین‌المللی زیتون (صادقیان مطهر و همکاران، ۱۳۹۷)

حالت صفت (کد)	صفت
کشیده (۱)، تخم مرغی (۲)، کروی (۳)	شکل میوه
متقارن (۱)، تقریباً متقارن (۲)، نامتقارن (۳)	تقارن میوه
ریز (۳)، متوسط (۵)، بزرگ (۷)	اندازه عدسک
کشیده (۱)، تخم مرغی (۲)، گرد (۳)	شکل هسته
کمترین قطر عرضی (۱)، بیشترین قطر عرضی (۲)	محل بیشترین قطر عرضی میوه
نوکدار (۱)، گرد (۲)	نوک میوه
بدون پستانک (۱)، پستانکدار (۹)	پستانک
نوکدار (۱)، گرد (۲)	نوک هسته
به صورت شمارش تعداد عدسک روی میوه و تعداد شیار روی هسته انجام گرفت	تعداد عدسک و تعداد شیار روی هسته



شکل ۱. صفات ظاهری مورد ارزیابی زیتون



شکل ۲. صفات ظاهری مورد ارزیابی زیتون

استخراج DNA و واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز

به منظور استخراج DNA، ابتدا از برگ‌های تازه و جوان ۹۸ ژنوتیپ زیتون نمونه‌های برگی تهیه شد. جهت استخراج با استفاده از نیتروژن مایع برگ‌ها در آون پودر شده و با استفاده از روش CTAB استخراج انجام گرفت (Saghai-Marooft, 1984). به منظور بررسی کیفیت DNA از الکتروفورز افقی با ژل آگارز ۰/۸ درصد استفاده شد. واکنش PCR با استفاده از نشانگرهای ITS، SCoT، CAAT و IJS انجام شد. جهت رنگ‌آمیزی و نمره‌دهی، DNA تکثیر یافته روی ژل اکریل امید ۶ درصد قرار داده شد و با استفاده از روش سریع رنگ‌آمیزی نیترات نقره (An et al., 2009) ژل‌ها رنگ‌آمیزی شدند و در نهایت نوارهای DNA امتیازدهی شدند.

تجزیه‌های آماری

به منظور انجام تجزیه واریانس و مقایسه میانگین بر اساس آزمون توکی در سطح احتمال ۵ درصد از نرم افزار SAS استفاده شد. تجزیه رگرسیون و محاسبه ضرایب همبستگی و همچنین تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم افزار SPSS نسخه ۲۴ (IBM Crop, 2010) انجام شد. به منظور انجام تجزیه ارتباطی بین صفات مورفولوژیکی و نشانگرهای مولکولی به روش تجزیه رگرسیونی، از نرم افزار SPSS نسخه ۲۴ (IBM Crop, 2010) استفاده شد.

یافته‌های پژوهش

با توجه به نتایج تجزیه واریانس، اختلاف بین ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۳) که نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی بسیار بالا در بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد ارزیابی بود. صفات محل شروع تغییر رنگ، پستانک میوه و شکل هسته دارای بیشترین میزان ضریب تغییرات در بین صفات مورد ارزیابی بودند. همچنین طول میوه، قطر میوه و طول هسته کمترین میزان ضریب تغییرات را در بین صفات مورد ارزیابی داشتند.

جدول ۳. نتایج تجزیه واریانس صفات میوه در ۹۸ رقم و ژنوتیپ زیتون

میانگین مربعات						منابع تغییر
بیشترین قطر عرضی میوه	شکل میوه	تقارن میوه	قطر میوه	طول میوه	درجه آزادی	
۰/۱۶۷**	۰/۸۳۰**	۰/۶۶۰**	۱۵/۰۱۸**	۴۹/۴۸۰**	۹۷	رقم
۰/۰۲۰	۰/۰۲۰	۰/۰۲۰	۰/۱۴۸	۰/۲۸۸	۱۹۶	خطا
۷/۳۳۹	۷/۰۱۱	۷/۷۳۴	۴/۱۵۱	۲/۶۶۸		ضریب تغییرات (%)

***، نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد می‌باشد

ادامه جدول ۳

میانگین مربعات						منابع تغییر
ضخامت گوشت میوه	شروع محل تغییر رنگ	اندازه عدسک	تعداد عدسک	پستانک	نوک میوه	درجه آزادی
۱/۷۰۲**	۰/۱۹۳**	۴/۱۲۶**	۴۳/۷۴۵**	۳۱/۱۱۳**	۰/۶۷۷**	۹۷
۰/۰۷۵	۰/۰۳۷	۰/۰۸۱	۱/۲۱۹	۱/۳۰۶	۰/۰۲۷	۱۹۶
۱۲/۸۳۵	۱۷/۶۰۶	۶/۲۵۹	۶/۱۱۶	۱۴/۵۴۵	۱۱/۷۱۴	ضریب تغییرات (درصد)

ادامه جدول ۳

میانگین مربعات				منابع تغییر
نسبت گوشت به هسته	وزن هسته	وزن گوشت	وزن میوه	درجه آزادی
۹/۹۷۱**	۰/۱۵۴**	۱۱/۴۱۸**	۱۴/۷۴۰**	۹۷
۰/۰۸۴	۰/۰۰۱	۰/۰۵۸	۰/۰۷۴	۱۹۶
۵/۲۷۴	۵/۷۶۹	۶/۵۵۲	۵/۸۷۰	ضریب تغییرات (درصد)

ادامه جدول ۳

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات		
		طول هسته	شکل هسته	تعداد شیار
رقم	۹۷	۳۵/۹۱۰**	۲/۴۴۴**	۴/۳۴۸**
خطا	۱۹۶	۰/۴۲۷	۰/۰۸۵	۰/۸۴۰
ضرب تغییرات (درصد)		۴/۳۲۷	۱۶/۸۴۳	۸/۱۳۴
				۱۴/۴۹۳

جدول ۴. مقایسه میانگین صفات میوه در ۱۰ درصد ارقام و ژنوتیپ‌های برتر زیتون از نظر هر صفت

صفات	HDS	ژنوتیپ	۲	۶۹	۱	۲۵	۶۲	۱۸	۲۰	۳۸	۳۹	۶۳
طول میوه (میلی‌متر)	مقدار	۳۸/۳۴۹ ^a	۳۷/۸ ^a	۳۵/۷۴ ^{ab}	۳۳/۱۸۸ ^b	۳۴/۹۲۱ ^c	۳۴/۱۳۸ ^c	۲۴/۰۹۷ ^c	۲۳/۸۲۱ ^c	۲۳/۴۵۱ ^c	۲۳/۲۴۹ ^c	۱/۹۲
قطر میوه (میلی‌متر)	مقدار	۱۹/۹۴ ^a	۱۹/۸۸۱ ^a	۱۸/۴۶۶ ^{ab}	۱۷/۳۲۸ ^b	۱۲/۰۰۵ ^c	۱۱/۷۸۶ ^c	۱۰/۶۴ ^c	۱۰/۳۴۳ ^c	۴	۶۲	۳۸
تقارن میوه	مقدار	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^b	۲ ^{bc}	۲ ^{bc}	۸۲	۱	۱۰
شکل میوه	مقدار	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^{ab}	۳ ^{ab}	۳ ^{ab}	۳ ^{bc}	۳ ^{bc}	۸	۴۹	۴۶
بیشترین قطر عرض میوه	مقدار	۲ ^a	۲ ^a	۲ ^a	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{bc}	۲ ^{bc}	۸	۹	۹
نوک میوه	مقدار	۲ ^a	۲ ^a	۲ ^a	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{bc}	۲ ^{bc}	۴۲	۲۶	۴۴
پستانک	مقدار	۹ ^a	۹ ^a	۹ ^a	۹ ^{ab}	۹ ^{ab}	۹ ^{ab}	۹ ^{bc}	۹ ^{bc}	۸	۹	۸۴
تعداد عدسک	مقدار	۴۸/۳۳۳ ^a	۳۲/۵۵۵ ^a	۲۲ ^{ab}	۲۱/۶۶۶ ^b	۲۰/۶۶۶ ^b	۲۰/۱۱۱ ^b	۲۰/۱۱۱ ^b	۲۰ ^b	۶۲	۲۰	۱۶
اندازه عدسک	مقدار	۷ ^a	۷ ^a	۷ ^{ab}	۷ ^{ab}	۷ ^{ab}	۷ ^{ab}	۷ ^{bc}	۷ ^{bc}	۱۸	۵۴	۳۸
شروع تغییر رنگ	مقدار	۲ ^a	۲ ^a	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{bc}	۲ ^{bc}	۱۳	۴۰	۳۳
ضخامت گوشت میوه (میلی‌متر)	مقدار	۴/۲۳۳ ^a	۳/۹۴۹ ^a	۳/۸۱۴ ^{ab}	۳/۷۲۴ ^{ab}	۳/۶۸۹ ^{ab}	۳/۶۲۵ ^b	۳/۵۹۱ ^c	۳/۳۸۱ ^c	۱۷	۸	۱۹
وزن میوه (گرم)	مقدار	۱۱/۵۸۴ ^a	۱۱/۲۴۷ ^a	۱۰/۶۶۸ ^{ab}	۹/۲۶۱ ^{ab}	۹/۲۲۱ ^{ab}	۹/۱۳۱ ^b	۸/۷۱۶ ^{bc}	۸/۶۵۱ ^{bc}	۵۱	۴۰	۳۶
وزن گوشت (گرم)	مقدار	۹/۸۵۸ ^a	۹/۵۶۳ ^a	۹/۰۵۸ ^b	۷/۶۹۳ ^b	۷/۶۴۱ ^b	۷/۵۷۳ ^b	۷/۲۷۹ ^b	۷/۰۵ ^b	۵۱	۴۰	۳۶
وزن هسته (گرم)	مقدار	۱/۳۰۶ ^a	۱/۲۹۵ ^a	۱/۲۶۶ ^{ab}	۱/۱۵ ^{ab}	۱/۱۳۱ ^{ab}	۱/۰۷۶ ^b	۱/۰۵ ^{bc}	۱/۰۱۹ ^c	۶۲	۶۶	۳۵
نسبت گوشت به هسته	مقدار	۱۱/۲۵۱ ^a	۱۰/۲۰۲ ^a	۹/۶۴۵ ^{ab}	۹/۶۴۵ ^{ab}	۹/۳۸۷ ^{ab}	۸/۷۴۳	۸/۶۸۴ ^c	۸/۶۳۴ ^c	۱	۲۵	۴۹
طول هسته (میلی‌متر)	مقدار	۲۷/۵۶۵ ^a	۲۶/۴۱ ^a	۲۶/۲۰۶ ^{ab}	۲۵/۷۷۹ ^{ab}	۲۳/۳۲۳ ^{ab}	۱۹/۶۶۳ ^c	۱۸/۲۷ ^c	۱۷/۷۳۴ ^c	۴۳	۴۳	۶۲
شکل هسته	مقدار	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^{ab}	۳ ^{ab}	۳ ^{ab}	۳ ^{ab}	۳ ^{bc}	۳ ^{bc}	۸۱	۱۰۱	۲۷
تعداد شیار	مقدار	۱۴/۴۴۴ ^a	۱۴/۳۳۳ ^a	۱۴/۲۲۲ ^{ab}	۱۳/۶۶۶ ^b	۱۳/۵۵۵ ^b	۱۳/۳۳۳ ^b	۱۳/۲۳۳ ^b	۱۳/۱۱۱ ^b	۹	۱۷	۴
نوک هسته	مقدار	۲ ^a	۲ ^a	۲ ^a	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{ab}	۲ ^{bc}	۲ ^{bc}	۷	۵۸	۲

نام ژنوتیپ‌ها براساس شماره در جدول ۱ آمده است. در هر ردیف حروف مشابه نشان‌دهنده اختلاف غیرمعنی‌دار بر اساس آزمون توکی در سطح احتمال ۵ درصد می‌باشد.

با توجه به تعدد ارقام و ژنوتیپ‌های مورد بررسی، مقایسه میانگین صفات میوه برای ۱۰ درصد از ارقام و ژنوتیپ‌های زیتون با بیشترین و کمترین مقادیر صفات مورد بررسی به ترتیب در جدول‌های ۴ و ۵ آورده شده است. طبق نتایج مقایسه میانگین، بیشترین مقادیر طول میوه و قطر میوه مربوط به ژنوتیپ‌های 'کاریدولیا' و 'D1'، بیشترین طول هسته در ژنوتیپ 'آمیگدالولیا' و بیشترین وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته در ژنوتیپ 'D1' مشاهده شد. بیشترین تعداد عدسک متعلق به ژنوتیپ 'کاریدولیا' بود، در حالی که بزرگترین عدسک‌ها در ژنوتیپ 'فیشمی رودبار' مشاهده شد. کشیده ترین شکل میوه و هسته به ژنوتیپ 'دزفول' اختصاص داشت، در حالی که از نظر شکل هسته ژنوتیپ 'فیشمی رودبار' هسته گردی داشت. ژنوتیپ 'آربکینا' میوه کاملاً مقارنی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشت و شکل میوه تقریباً گرد به نظر می‌رسد. بیشترین ضخامت گوشت میوه به ژنوتیپ 'خدیری' و بیشترین نسبت گوشت میوه به هسته به ژنوتیپ 'مانزانایلا کاسرنا' متعلق داشت.

کمترین مقادیر صفات طول میوه، قطر میوه، وزن میوه، وزن هسته و طول هسته در ژنوتیپ 'کرونیکی' و کمترین میزان وزن گوشت میوه در ژنوتیپ 'پاترینی' به دست آمد (جدول ۵). شکل میوه کشیده تنها در ژنوتیپ‌های 'کرونیکی' و 'روغنی' مشاهده شد. ژنوتیپ 'کورفولیا' از نظر صفات طول میوه و قطر میوه بعد از ژنوتیپ 'کرونیکی' کمترین مقدار را در بین ژنوتیپ‌ها داشت. کمترین تعداد عدسک در ژنوتیپ 'خدیری' مشاهده شد و کوچک‌ترین اندازه عدسک و شکل هسته کاملاً کشیده در ژنوتیپ

'T23' ثبت شد. ژنوتیپ‌های 'مصعابی'، 'میشن'، 'ماری' و 'جلت' در بین ژنوتیپ‌ها بیشترین محل قطر عرضی میوه در قسمت مرکز میوه را داشتند. کمترین مقدار ضخامت گوشت میوه متعلق به ژنوتیپ 'تی‌ایکی' بود. کمترین تعداد شیار نیز به ژنوتیپ 'T21' اختصاص داشت.

جدول ۵. مقایسه میانگین صفات میوه در ۱۰ درصد از ارقام و ژنوتیپ‌های زیتون با کمترین مقادیر صفات

صفات	HDS	۳	۲۳	۲۴	۳۴	۱۰۳	۱۰۴	۶۰	۷	۱۰۹	۱۱۴	ژنوتیپ
طول میوه (میلی‌متر)	مقدار	۱۶/۷۵۵ ^c	۱۳/۱۲۱ ^c	۱۴/۸۰۴ ^c	۱۵/۰۳۷ ^b	۱۵/۶۸۹ ^a	۱۵/۹۴۸ ^a	۱۶/۶۴۰ ^a	۱۶/۷۰۳ ^a	۱۶/۷۶۶ ^a	۱۶/۸۰۰ ^a	ژنوتیپ
قطر میوه (میلی‌متر)	مقدار	۵/۵۹۷ ^c	۶/۷۳۳ ^c	۶/۸۰۴ ^c	۶/۸۱۲ ^{a b}	۶/۸۴۱ ^{a b}	۷/۲۷۷ ^a	۷/۲۸۲ ^a	۷/۴۵۴ ^a	۷/۵۳۰ ^a	۷/۷۴۱ ^a	ژنوتیپ
تقارن میوه	مقدار	۱ a b	۱ a b	۱ a b	۱ a b	۱ a b	۱ a	۱ a	۱ a	۱ a	۱ a	ژنوتیپ
شکل میوه	مقدار	۱ a b	۱ a b	۱ a b	۱ a b	۱ a b	۱ a	۱ a	۱ a	۱ a	۱ a	ژنوتیپ
بیشترین قطر عرض میوه	مقدار	۱ a b	۱ a b	۱ a b	۱ a b	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	ژنوتیپ

- 1 Caridolia
- 2 Amygdalolia
- 3 Dezful
- 4 Arbequina
- 5 Khodeiri
- 6 Manzanilla Cacereña
- 7 Koroneiki
- 8 Patrini
- 9 Rowghani
- 10 Mosabi
- 11 Mission
- 12 Mari
- 13 lot
- 14 iaiiki

ادامه جدول ۵.

نوک میوه	ژنوتیپ	۱۰۱	۲۷	۱۰۴	۱۰۵	۶۷	۱۰۹	۱۱۲	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸	مقدار	ژنوتیپ
	مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۰/۶۲۵	مقدار
پستانک	ژنوتیپ	۲۴	۴۶	۴۵	۲۹	۵	۳۹	۴۹	۵۰	۲۶	۴۸	مقدار	ژنوتیپ
	مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۵/۰۰۱	مقدار
تعداد	ژنوتیپ	۳۴	۱۴	۷	۸۴	۶۱	۲۴	۶۴	۲۶	۱۵	۱۲	مقدار	ژنوتیپ
عدسک	مقدار	۱۴/۷۷۸ ^a	۱۴/۷۷۸ ^a	۱۴/۷۷۷ ^a	۱۴/۷۷۷ ^a	۱۴/۴۴۴ ^a	۱۴/۱۱۱ ^a b	۱۴/۱۱۱ ^a b	۱۳/۶۶۶ ^b	۱۳/۵۵۵ ^b	۱۳/۰۰۰ ^b	۳/۹۴۵	مقدار
اندازه	ژنوتیپ	۷۵	۱۰	۱۱	۱۲	۴۷	۶۸	۶۱	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸	مقدار	ژنوتیپ
عدسک	مقدار	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۰/۹۳۱	مقدار
شروع تغییر رنگ	ژنوتیپ	۱۰۱	۱۰۳	۱۰۴	۱۰۵	۱۰۶	۱۰۹	۱۱۲	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸	مقدار	ژنوتیپ
	مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۰/۴۱۶	مقدار
ضخامت گوشت	ژنوتیپ	۵۸	۸۴	۶۸	۹۱	۸۳	۵	۶۴	۴۷	۶۱	۶۰	مقدار	ژنوتیپ
(میلی متر)	مقدار	۱/۲۴۵ ^a	۱/۲۲۶ ^a	۱/۲۰۹ ^a	۱/۲۰۷ ^a	۱/۰۸۷ ^a	۱/۰۵۰ ^a	۱/۰۱۶ ^a	۰/۹۴۸ ^c	۰/۹۱۵ ^c	۰/۷۱۰ ^c	۰/۹۸۳	مقدار
وزن میوه	ژنوتیپ	۲۴	۵	۷۴	۴۷	۲۶	۸۴	۶۰	۳	۶۱	۲۳	مقدار	ژنوتیپ
(گرم)	مقدار	۲/۰۹۰ ^a	۲/۰۱۰ ^a	۱/۹۴۸ ^a	۱/۹۲۳ ^a	۱/۹۰۳ ^a	۱/۷۳۹ ^a	۱/۷۰۴ ^a	۱/۶۲۹ ^c	۱/۲۷۸ ^c	۱/۲۷۴ ^c	۰/۹۷۶	مقدار
وزن گوشت	ژنوتیپ	۱۰۳	۶۰	۲۶	۴۷	۳	۱۱۴	۸۳	۸۴	۲۳	۶۱	مقدار	ژنوتیپ
(گرم)	مقدار	۱/۴۶۶ ^a	۱/۴۲۵ ^a	۱/۴۱۱ ^a	۱/۴۱۱ ^a	۱/۲۲۴ ^a	۱/۱۲۵ ^b	۱/۰۷۳ ^b	۱/۰۳۴ ^b	۰/۹۷۸ ^b	۰/۷۹۹ ^c	۰/۸۶۵	مقدار
وزن هسته	ژنوتیپ	۵	۱۴	۱۰۳	۲۴	۲۶	۳	۶۱	۶۰	۷۴	۲۳	مقدار	ژنوتیپ
(گرم)	مقدار	۰/۳۷۸ ^a	۰/۳۵۴ ^a	۰/۳۵۳ ^a	۰/۳۴۱ ^a	۰/۳۱۲ ^a	۰/۳۰۵ ^a	۰/۲۷۹ ^a	۰/۲۷۸ ^b	۰/۲۷۱ ^c	۰/۱۹۶ ^c	۰/۱۳۴	مقدار
نسبت گوشت به	ژنوتیپ	۱۰۴	۹۶	۹۱	۱۹	۸۲	۱۱۸	۴۶	۶۴	۶۱	۱۱۴	مقدار	ژنوتیپ
هسته	مقدار	۳/۶۶۹ ^a	۳/۶۵۶ ^a	۳/۶۴۲ ^a	۳/۵۸۹ ^a	۳/۵۴۴ ^a	۳/۴۰۹ ^a	۳/۲۸۶ ^a	۳/۰۸۶ ^b	۲/۸۶۰ ^c	۲/۴۳۷ ^c	۱/۰۴۱	مقدار
طول	ژنوتیپ	۷	۳۷	۲۴	۱۰۱	۶۰	۶۱	۱۰۹	۱۰۳	۱۰۴	۲۳	مقدار	ژنوتیپ
هسته	مقدار	۱۰/۸۸۷ ^a	۱۰/۷۸۱ ^a	۱۰/۶۳۰ ^a	۱۰/۵۸۲ ^a	۱۰/۵۱۴ ^a	۱۰/۴۳۹ ^a b	۱۰/۳۶۰ ^a b	۹/۸۳۰ ^a	۹/۶۶۴ ^c	۶/۷۱۱ ^c	۲/۳۳۷	مقدار
شکل	ژنوتیپ	۲۶	۸۴	۲۸	۱۰۵	۱۰۶	۱۰۹	۱۱۲	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸	مقدار	ژنوتیپ
هسته	مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۰/۹۵۴	مقدار
تعداد شیار	ژنوتیپ	۹۱	۹۲	۹۵	۹۴	۱۰۹	۶۴	۵	۲۶	۱۱۴	۱۱۶	مقدار	ژنوتیپ
	مقدار	۱۰/۰۰۰ ^a	۱۰/۰۰۰ ^a	۹/۹۹۹ ^a	۹/۹۹۹ ^a	۹/۸۸۹ ^a	۹/۷۷۷ ^a	۹/۶۶۶ ^a	۹/۵۵۵ ^a	۹/۴۴۴ ^a	۹/۳۳۳ ^a	۳/۲۷۶	مقدار
نوک هسته	ژنوتیپ	۱۰۱	۱۰۳	۱۰۴	۱۰۵	۱۰۶	۱۰۹	۱۱۲	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸	مقدار	ژنوتیپ
	مقدار	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۱/۰۰۰ ^a	۰/۵۸۹	مقدار

نام ژنوتیپ‌ها براساس شماره در جدول ۱ آمده است.

بیشترین همبستگی مثبت و معنی دار صفات بین طول میوه و قطر میوه (۰/۹۰۹)، وزن گوشت میوه و وزن میوه (۰/۹۹۴) و وزن میوه و وزن هسته (۰/۸۴۲)، و در سطح احتمال یک درصد به دست آمد. بین صفات نوک میوه و پستانک میوه همبستگی منفی و معنی دار (۰/۴۳۳-) در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد. همچنین، صفت طول میوه با صفات بیشترین قطر عرضی میوه، نوک میوه، شروع تغییر رنگ میوه و شکل هسته کمترین میزان همبستگی را داشت. کمترین همبستگی منفی نیز در صفات بیشترین قطر عرضی میوه و نوک میوه با صفت قطر میوه ثبت شد (جدول ۶).

جدول ۶. همبستگی بین صفات میوه در ۹۸ رقم و ژنوتیپ زیتون

Traits	(FRL)	(FRD)	(FRS)	(FRP)	(PMD)	(FEA)	(NIP)	(PRL)	(SIL)	(SSC)	(THF)	(FSR)	(STL)	(STS)	(NOG)	(STA)	(FRW150)	(STW150)	(FLW150)
طول میوه	۱																		
قطر میوه	۰/۹۰۹**	۱																	
تقارن میوه	۰/۰۲۸	۰/۰۱۳	۱																
شکل میوه	۰/۲۵۰*	۰/۲۳۳*	۰/۱۸۱	۱															
بیشترین قطر عرضی میوه	۰/۱۷۱	۰/۱۷۳	۰/۳۴۳**	۰/۰۲۱	۱														
نوک میوه	۰/۱۵۳	۰/۱۶۶	۰/۱۶۴	۰/۴۶۵**	۰/۰۴۵	۱													
پستانک	۰/۱۴	۰/۱۷۳	۰/۰۰۹	۰/۲۶۴**	۰/۰۰۵	۰/۴۳۳**	۱												
تعداد عذسک	۰/۷۱۴**	۰/۷۱۰**	۰/۰۳۷	۰/۰۱۶	۰/۱۴۳	۰/۱۲۵	۰/۱۱۸	۱											
اندازه عذسک	۰/۱۶۹	۰/۱۷۶	۰/۱۱۱	۰/۰۹۷	۰/۱۱۷	۰/۰۵۵	۰/۰۳۳	۰/۱۱۴	۱										
محل شروع تغییر رنگ	۰/۱۰۹	۰/۱۲۳	۰/۰۱۷	۰/۱۳۹	۰/۲۴۰*	۰/۱۳۸	۰/۰۷۴	۰/۰۶۲	۰/۱۷۷	۱									
ضخامت گوشت میوه	۰/۴۸۰**	۰/۴۳۵**	۰/۱۶۱	۰/۲۶۹**	۰/۲۷۲**	۰/۱۸۲	۰/۱۷	۰/۳۳۱**	۰/۰۹۳	۰/۱۶۳	۱								
نسبت گوشت به هسته	۰/۴۳۳**	۰/۲۸۳**	۰/۰۰۵	۰/۰۳۹	۰/۱۰۱	۰/۱۵۱	۰/۰۰۳	۰/۲۴۱*	۰/۰۸۱	۰/۰۶۹	۰/۲۶۴**	۱							
طول هسته	۰/۷۸۸**	۰/۷۲۴**	۰/۰۴۸	۰/۲۱۶*	۰/۰۷۸	۰/۱۲۹	۰/۱۰۶	۰/۵۶۸**	۰/۰۹۲	۰/۰۱۶	۰/۳۷۴**	۰/۴۴۳**	۱						
شکل هسته	۰/۱۴	۰/۱۳۴	۰/۰۹۱	۰/۳۱۶**	۰/۱۳۴	۰/۲۴۲*	۰/۱۵۳	۰/۰۴۸	۰/۲۴۱*	۰/۰۶۳	۰/۲۷۱**	۰/۰۱۳	۰/۱۸۵	۱					
تعداد شیار	۰/۵۳۹**	۰/۵۰۸**	۰/۲۳۴**	۰/۱۱۹	۰/۲۶۲**	۰/۰۳۹	۰/۱۲۵	۰/۴۴۸**	۰/۰۹۶	۰/۱۴۱	۰/۷۱۸**	۰/۳۷۴**	۰/۴۵۶**	۰/۰۶۹	۱				
نوک هسته	۰/۱۱۹	۰/۱۵۳	۰/۳۱۴*	۰/۳۷۸**	۰/۰۴۴	۰/۲۸۱**	۰/۱۱۲	۰/۰۸۱	۰/۰۵۹	۰/۰۵۶	۰/۱۰۴	۰/۱۲۹	۰/۱۱۹	۰/۱۲۷	۰/۰۳۷	۱			
وزن میوه	۰/۷۶۴**	۰/۶۴۵**	۰/۰۲۱	۰/۰۰۸	۰/۱۱۴	۰/۰۲۱	۰/۱۳۱	۰/۴۹۹**	۰/۳۱۳**	۰/۱۰۲	۰/۴۲۳**	۰/۶۸۴**	۰/۶۶۳**	۰/۰۲۹	۰/۵۲۷**	۰/۰۴۹	۱		
وزن هسته	۰/۶۶۰**	۰/۵۹۴**	۰/۰۰۴	۰/۰۰۵	۰/۰۰۶	۰/۰۳۴	۰/۲۰۱*	۰/۴۶۳**	۰/۳۹۰**	۰/۱۸۶	۰/۳۹۹**	۰/۲۲۰*	۰/۵۲۵**	۰/۰۴۸	۰/۴۱۹**	۰/۰۳۹	۰/۸۴۲**	۱	
وزن گوشت میوه	۰/۷۵۹**	۰/۶۳۴**	۰/۰۲۵	۰/۰۱۵	۰/۱۱۲	۰/۰۳۶	۰/۱۱۹	۰/۴۹۳**	۰/۱۶۳**	۰/۰۸۶	۰/۴۱۴**	۰/۷۲۳**	۰/۶۶۶**	۰/۰۲۴	۰/۵۲۹**	۰/۰۵۵	۰/۶۹۴**	۰/۷۲۹**	۱

* و ** بترتیب رابطه معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد را نشان می دهد.

تجزیه رگرسیون

نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون زمانی که وزن میوه به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد نشان داد که وزن گوشت میوه و وزن هسته در سطح احتمال یک درصد بیشترین میزان ارتباط را با وزن میوه داشت که در مجموع ۹۹/۶۰ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کردند (جدول ۷). با در نظر گرفتن وزن گوشت میوه به عنوان متغیر وابسته، وزن میوه، نسبت گوشت به هسته و طول میوه وارد مدل شده که در مجموع ۹۹/۶۰ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کردند (جدول ۸). همچنین در مدلی که صفت وزن هسته به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد، وزن میوه، نسبت گوشت به هسته، قطر میوه و ضخامت گوشت میوه به میزان ۹۵/۸۰ درصد از تغییرات صفت وزن هسته را توجیه کردند و وارد مدل شدند (جدول ۹). در این مدل نسبت گوشت به هسته با صفت وزن هسته ارتباط منفی نشان داد، این ارتباط بیانگر آن است که با افزایش وزن گوشت میوه، نسبت گوشت به هسته افزایش و وزن هسته کاهش می یابد. همچنین، با افزایش قطر میوه، وزن گوشت بیشتر از هسته تحت تاثیر این صفت قرار گرفته و افزایش می یابد. ضخامت گوشت میوه نیز در سطح احتمال ۵ درصد با صفت وزن هسته ارتباط دارد.

جدول ۷. نتایج تجزیه رگرسیون برای صفات میوه ۹۸ ژنوتیپ زیتون (مدلی که وزن میوه به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد)

صفت	ضریب رگرسیون	خطای استاندارد	نهایی F	ضریب تبیین تجمعی
وزن گوشت میوه	۱/۰۰۰**	۰/۰۱۲	۸۱۱۲/۶۷۳**	۰/۹۸۸
وزن هسته	۱/۴۰۷**	۰/۰۰۶	۱۱۴۹۰/۸۲۶**	۰/۹۹۶

جدول ۸. نتایج تجزیه رگرسیون برای صفات میوه ۹۸ ژنوتیپ زیتون (مدلی که وزن گوشت میوه به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد)

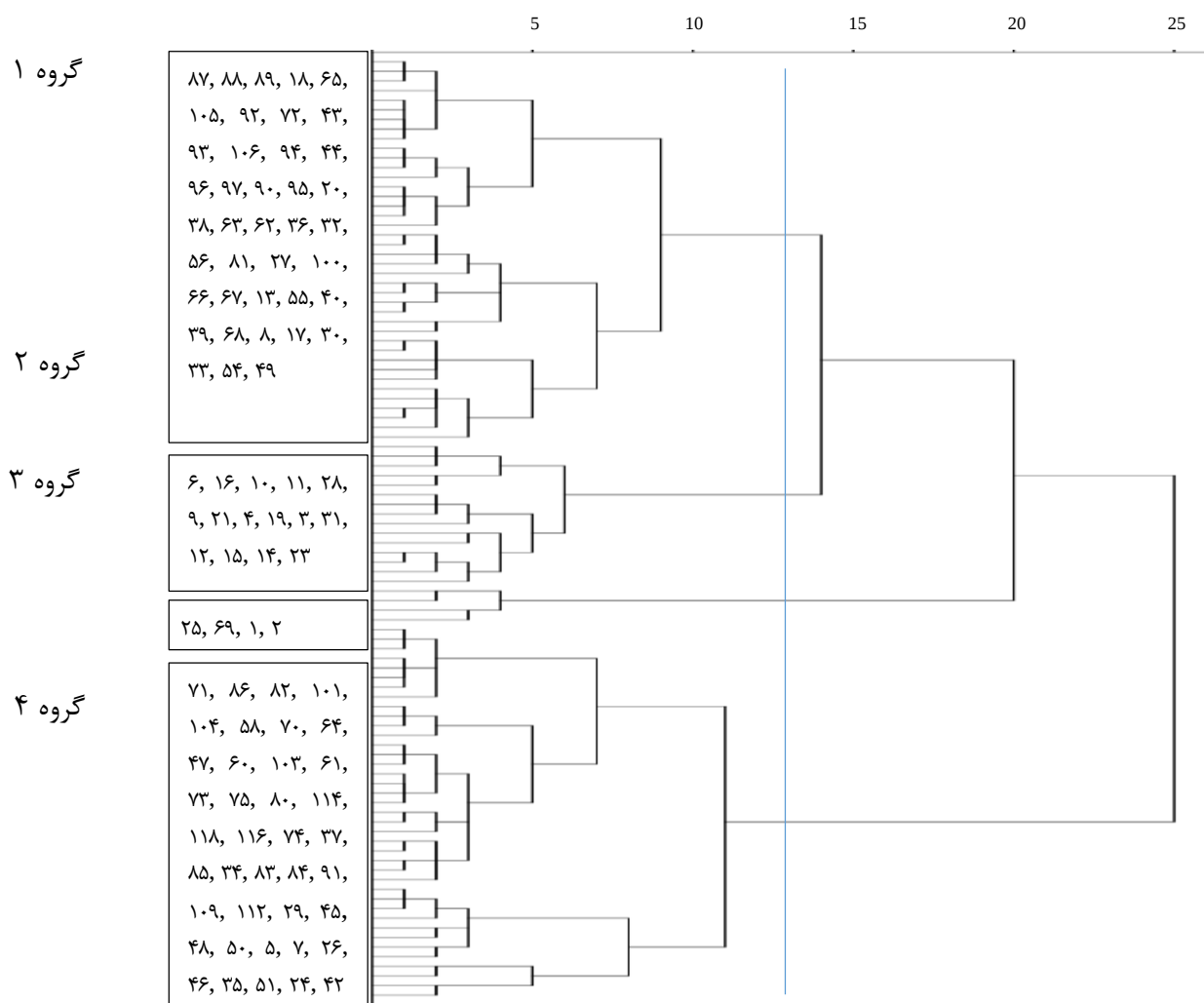
صفت	ضریب رگرسیون	خطای استاندارد	نهایی F	ضریب تبیین تجمعی
وزن میوه	۰/۷۸۷**	۰/۰۱۲	۸۱۱۲/۶۷۳**	۰/۹۸۸
نسبت گوشت به هسته	۰/۱۳۹**	۰/۰۱۰	۱۰۳۲۸/۴۴۱**	۰/۹۹۵
طول میوه	۰/۰۱۳*	۰/۰۰۵	۷۱۹۳/۴۲۲**	۰/۹۹۶

جدول ۹. نتایج تجزیه رگرسیون برای صفات میوه ۹۸ ژنوتیپ زیتون (مدلی که وزن هسته به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد)

ضریب رگرسیون	خطای استاندارد	نهایی F	ضریب تبیین تجمعی	صفت
۰/۱۴۰**	۰/۰۰۴	۲۳۳/۸۰۴**	۰/۹۴۸	وزن میوه
-۰/۰۸۷**	۰/۰۰۴	۸۶۵/۵۳۳**	۰/۹۵۴	نسبت گوشت به هسته
-۰/۰۱۳**	۰/۰۰۳	۶۴۶/۹۲۵**	۰/۹۵۶	قطر میوه
۰/۰۱۶*	۰/۰۰۷	۵۰۶/۸۶۶**	۰/۹۵۸	ضخامت گوشت میوه

تجزیه خوشه‌ای

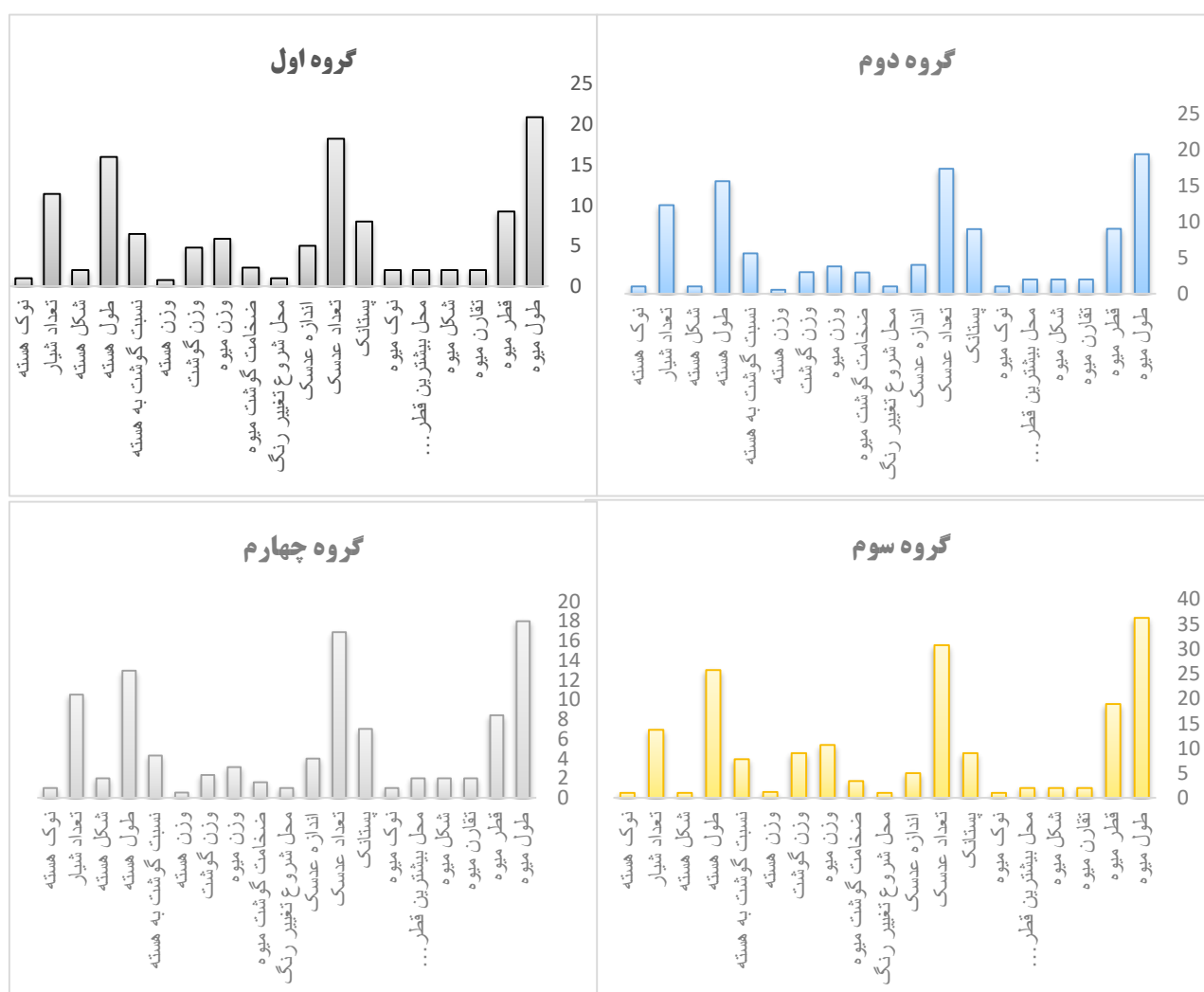
تجزیه خوشه‌ای به روش وارد، براساس فاصله اقلیدسی با در نظر گرفتن تمام صفات اندازه‌گیری شده، ارقام مورد مطالعه را به چهار گروه تقسیم بندی کرد (شکل ۳). در مقایسه با روش‌های نزدیک‌ترین همسایه‌ها، دورترین همسایه‌ها، سنتروید، لینکاژ بین گروهی و درون گروهی، نتایج روش Ward در تمایز ژنوتیپ‌ها بهتر بود، لذا این روش مورد تفسیر قرار گرفت.

**شکل ۳.** گروه بندی ۹۸ ژنوتیپ‌های زیتون بر اساس صفات اندازه‌گیری شده به روش Ward بر اساس فاصله اقلیدوسی

طبق نتایج حاصل از گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها (شکل ۴)، گروه سوم نسبت به سایر گروه‌ها از طول میوه، قطر میوه، تعداد عدسک، ضخامت گوشت میوه، وزن میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته، نسبت گوشت به هسته، طول هسته و تعداد شیار بیشتری نسبت به سایر گروه‌ها برخوردار است.

در بین صفات تقارن میوه، شکل میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه، محل شروع تغییر رنگ و نوک هسته تمامی گروه‌ها مشابه بودند. بعد از گروه سوم، گروه اول نسبت به سایر گروه‌ها از نظر ابعاد میوه و وزن میوه در جایگاه بعدی قرار داشت. گروه چهارم از نظر صفات طول میوه، قطر میوه، تعداد عدسک، ضخامت گوشت میوه، وزن میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته، نسبت گوشت به هسته، طول هسته و تعداد شیار کمترین میزان را در بین سایر گروه‌ها داشت.

از نظر اندازه عدسک، گروه‌های اول و سوم با یکدیگر و گروه‌های دوم و چهارم نیز با یکدیگر مشابه بودند. گروه‌های اول، دوم و چهارم از نظر قطر میوه تقریباً مشابه بودند و اختلاف معنی‌داری نداشتند. از نظر شکل میوه و محل بیشترین قطر عرضی میوه گروه‌های دوم و سوم با یکدیگر و گروه‌های اول و چهارم با یکدیگر مشابه بودند و اختلاف معنی‌داری نداشتند.



شکل ۴. تغییرات در صفات میوه در گروه‌های حاصل از تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های زیتون

تجزیه ارتباط رگرسیونی

نتایج حاصل از تجزیه ارتباط رگرسیونی صفات با آلل‌های مورد بررسی (جدول ۱۰) نشان داد که با وارد شدن طول میوه به عنوان متغیر وابسته و آلل‌ها به عنوان متغیر مستقل در مدل، در مجموع ۱۸ آلل با طول میوه ارتباط دارند و در مجموع ۷۳/۲ درصد از تغییرات این صفت را کنترل می‌کنند. پنج آلل در جهت کاهش و ۱۳ آلل در جهت افزایش، کنترل‌کننده این صفت بودند. دو آلل در مجموع به میزان ۱۴/۴ درصد در جهت کاهشی با قطر میوه مرتبط بودند. تقارن میوه با ۲۸ آلل مرتبط بود که از بین این آلل‌ها ۱۹ آلل در جهت منفی و کاهشی و نه آلل در جهت مثبت و افزایشی و در مجموع ۸۸/۳ درصد از تغییرات این صفت را کنترل کردند. صفت شکل میوه به وسیله ۱۱ آلل به میزان ۵۴/۳ درصد توجیه شد که از بین ۱۱ آلل، ۷ آلل در جهت منفی و کاهشی و ۴ آلل در جهت افزایش این صفت را کنترل کردند. زمانی که صفت بیشترین قطر عرضی میوه به عنوان صفت وابسته و آلل‌ها به عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شد، ۸ آلل وارد مدل شدند که سه آلل در جهت منفی و کاهشی و ۵ آلل در جهت مثبت توانستند ۴۷/۴ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کنند. صفت نوک میوه توسط پنج آلل به مقدار ۳۸/۶ درصد توجیه شد که ۴ آلل در جهت کاهشی و یک آلل در جهت افزایشی صفت نوک میوه را تبیین کردند. ۲۰ آلل به مقدار ۷۹/۵ درصد صفت پستانک را توجیه کردند که نه آلل در جهت منفی و کاهشی و ۱۱ آلل در جهت مثبت این صفت را کنترل کردند. برای صفت تعداد عدسک، پنج آلل به مقدار ۲۶/۳ درصد توانستند این صفت را توجیه کنند که چهار آلل در جهت منفی و یک آلل در جهت مثبت کنترل‌کننده صفت بودند. صفت اندازه عدسک توسط هفت آلل کنترل شد که از این بین دو آلل در جهت کاهشی و پنج آلل در جهت افزایشی در مجموع به میزان ۴۲/۷ درصد از تغییرات را توجیه کردند. محل شروع تغییر رنگ توسط هفت آلل به میزان ۴۷/۲ درصد توجیه شد که ۳ آلل در جهت کاهشی و ۴ آلل در جهت افزایشی بوده است. برای ضخامت گوشت میوه به عنوان صفت وابسته، ۱۴ آلل توانستند در مجموع ۶۷ درصد از تغییرات را توجیه کنند که هفت آلل در جهت کاهش و هفت آلل در جهت افزایش عمل کردند. صفت نسبت گوشت به هسته توسط شش آلل که چهار آلل کاهشی و دو آلل افزایشی بود و توانستند در مجموع ۴۴/۸ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کنند. تعداد چهار آلل در مجموع ۲۵/۵ درصد از تغییرات صفت طول هسته را توجیه کردند که دو آلل در جهت منفی و دو آلل در جهت مثبت کنترل‌کننده بودند. زمانی که صفت شکل هسته به عنوان متغیر وابسته وارد مدل شد ۱۷ آلل، نه آلل در جهت کاهشی و هشت آلل در جهت افزایشی، در مجموع توانستند ۷۳/۸ درصد از تغییرات این صفت را تبیین کنند. صفت تعداد شیار در مجموع به مقدار ۷۸/۴ درصد توسط ۲۱ آلل توجیه شد، ۱۱ آلل در جهت کاهشی و ۱۰ آلل در جهت افزایش، این صفت را کنترل کردند. صفت نوک هسته توسط چهار آلل، سه آلل در جهت افزایشی و یک آلل در جهت کاهشی کنترل‌کننده این صفت بودند و در مجموع مقدار ۲۷/۹ درصد از تغییرات این صفت را توجیه نمود. چهار آلل در جهت کاهش و سه آلل در جهت افزایش و در مجموع ۴۵/۲ درصد از تغییرات فنوتیپی صفت وزن میوه را توجیه نمودند. وزن هسته توسط ۱۵ آلل و در مجموع به مقدار ۶۵/۶ درصد توجیه شد که هفت آلل در جهت کاهش و هشت آلل در جهت افزایش وزن هسته بودند. صفت وزن گوشت میوه توسط نه آلل که چهار آلل در جهت کاهش و پنج آلل در جهت افزایش وزن بود کنترل می‌شود که در مجموع ۵۰/۹ درصد از تغییرات این صفت را تبیین نمودند.

جدول ۱۰. تجزیه رگرسیون بین صفات میوه و آله‌های تکثیر شده با استفاده از نشانگرهای CAAT، SCoT، ITS و IJS در ژنوتیپ‌های

مورد مطالعه زیتون

صفات	آله‌ها*	F نهایی	ضریب تبیین تجمعی نهایی مدل رگرسیونی
طول میوه	SCoT21-B, ITS4-C, SCoT9-B, IJS9-A, IJS15-D, SCoT8-B, ITS1-A, SCoT4-C, CAAT14-A, SCoT7-B, ITS2-E, CAAT10-C, CAAT11-A, SCoT3-D, ITS7-B, CAAT10-A, CAAT16-B, SCoT11-C	۱۱/۹۷۳**	۰/۷۳۲
قطر میوه	SCoT21-B, CAAT13-A	۸/۰**	۰/۱۴۴
تقارن میوه	IJS9-C, SCoT15-A, CAAT10-E, ITS3-D, CATT3-D, SCoT4-A, CATT3-C, ITS3-B, IJS13-A, ITS1-A, CAAT16-C, SCoT8-B, ITS12-B, IJS14-D, CAAT6-E, ITS15-C, SCoT2-B, IJS14-A, CAAT13-E, SCoT9-C, SCoT2-E, SCoT7-A, ITS1-B, SCoT11-D, IJS4-A, CAAT12-B, IJS15-C, IJS2-A	۱۸/۵۳۶**	۰/۸۸۳
شکل میوه	ITS1-E, SCoT8-A, IJS1-B, IJS7-C, SCoT11-A, IJS8-B, SCoT14-F, ITS4-A, ITS10-A, CAAT9-C, ITS13-D	۹/۲۸۰**	۰/۵۴۳
محل بیشترین قطر عرضی میوه	IJS10-F, CAAT12-B, CATT3-C, IJS9-C, SCoT9-C, IJS14-E, CAAT9-A, CAAT7-C	۱۰/۰۲۲**	۰/۴۷۴
نوک میوه	ITS11-A, ITS11-G, IJS10-E, CAAT13-C, CAAT7-A	۱۱/۵۴۳**	۰/۳۸۶
پستانک	ITS1-E, ITS14-E, ITS15-B, CAAT8-B, IJS9-A, ITS2-A, SCoT5-A, SCoT12-E, ITS2-C, SCoT12-C, CAAT10-D, ITS2-D, SCoT24-B, ITS14-F, ITS9-B, ITS1-C, SCoT12-D, ITS4-A, CAAT2-E, ITS10-C	۱۴/۹۵۹**	۰/۷۹۵
تعداد عدسک	SCoT21-B, SCoT2-C, CATT3-A, SCoT5-B, CAAT5-B	۶/۵۵۲**	۰/۲۶۳
اندازه عدسک	ITS1-A, SCoT15-A, SCoT12-D, IJS11-A, IJS11-B, ITS3-G, CAAT11-A	۹/۵۹۴**	۰/۴۲۷
محل شروع تغییر رنگ	ITS8-D, CAAT10-F, IJS14-A, CAAT14-D, CAAT2-E, ITS3-E, ITS6-B	۱۱/۵۱۲**	۰/۴۷۲
ضخامت گوشت میوه	ITS14-E, IJS10-A, SCoT21-B, ITS10-E, IJS5-B, ITS6-B, IJS10-F, CAAT6-B, IJS2-B, ITS13-D, ITS1-E, SCoT8-B, ITS8-C, CAAT5-C	۱۲/۰۲۵**	۰/۶۷۰
نسبت گوشت به هسته	ITS10-G, SCoT5-C, IJS9-A, SCoT4-A, IJS7-A, SCoT9-D	۱۲/۲۹۹	۰/۴۴۸
طول هسته	SCoT21-B, CAAT13-A, SCoT5-C, ITS2-E	۷/۹۵۸**	۰/۲۵۵
شکل هسته	IJS13-C, SCoT2-E, SCoT8-A, IJS8-D, CAAT16-A, CAAT13-D, ITS14-A, ITS14-B, IJS1-C, ITS4-C, ITS3-A, CAAT16-D, CAAT13-C, CAAT11-A, ITS2-F, CAAT6-C, SCoT7-A	۱۳/۲۴۹**	۰/۷۳۸
تعداد شیار	IJS2-B, ITS14-C, CATT3-A, ITS15-B, SCoT21-B, CATT3-B, ITS14-A, SCoT14-C, SCoT14-B, IJS7-C, ITS5-D, CAAT6-E, ITS11-G, SCoT9-D, IJS3-B, IJS10-F, ITS7-B, IJS4-C, ITS14-G, SCoT5-B, ITS3-F	۱۳/۱۰۸**	۰/۷۸۴
نوک هسته	CAAT11-C, ITS8-D, CAAT16-C, SCoT2-B	۸/۹۸۹**	۰/۲۷۹
وزن میوه	IJS9-A, SCoT21-B, ITS4-C, CAAT16-A, IJS7-B, SCoT5-C, ITS10-C	۱۰/۶۰۹**	۰/۴۵۲
وزن هسته	SCoT21-B, CAAT16-A, IJS1-B, SCoT7-B, ITS14-F, SCoT24-A, IJS7-B, SCoT3-D, SCoT4-C, IJS15-D, SCoT11-C, ITS7-B, CAAT2-B, SCoT5-D, ITS8-D	۱۰/۴۰۶**	۰/۶۵۶
وزن گوشت میوه	IJS9-A, SCoT7-B, SCoT21-B, ITS4-C, CAAT16-A, IJS7-B, SCoT5-C, CAAT13-A, SCoT3-D	۱۰/۱۴۲**	۰/۵۰۹

*, آله‌هایی که در ارتباط با صفت در مدل رگرسیونی معنی‌دار شناسایی شدند.

از بین آل‌های مورد بررسی در جدول ۱۱ آل SCoT21-B(400bp) دارای بیشترین پیوستگی با صفات (۹ صفت) بود. بعد از آن آل IJS9-A(620bp) با ۵ صفت و آل‌های SCoT5-C(500bp)، CAAT16-A(460bp) و ITS4-C(360bp) با ۴ صفت پیوستگی داشت. آل‌های SCoT21-B و IJS9-A در پیوستگی با صفات طول میوه، وزن میوه و وزن گوشت میوه مشترک بودند. همچنین SCoT21-B با SCoT5-C علاوه بر صفات وزن میوه و وزن گوشت میوه در صفت طول میوه مشترک بودند. آل IJS9-A با SCoT5-C در صفات نسبت گوشت به هسته، وزن میوه و وزن گوشت میوه مشترک بودند. آل CAAT16-A علاوه بر پیوستگی با صفات وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته، با صفت کیفی شکل هسته نیز پیوستگی داشت. آل‌های SCoT8-B(280bp)، ITS1-A(600bp)، SCoT7-B(630bp)، CAAT11-A(520bp)، SCoT3-D(346bp)، ITS7-B(440bp)، ITS1-E(410bp)، ITS10-F(450bp) و ITS8-D(340bp) در سه صفت پیوسته بودند. آل SCoT8-B(280bp) و ITS1-A(600bp) در صفات طول میوه و تقارن میوه مشترک بودند اما در صفت اندازه عدسک، فقط آل ITS1-A و در صفت ضخامت گوشت میوه، فقط آل SCoT8-B ارتباط معنی‌داری نشان دادند. آل SCoT7-B با آل SCoT3-D(346bp) در صفات طول میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته مشترک بودند.

جدول ۱۱. فهرست نام آل‌ها، طول تقریبی نواری DNA و صفات مرتبط با آنها* بر اساس تجزیه ارتباط رگرسیون

آل	تعداد صفات	طول تقریبی نواری DNA	صفات *
SCoT21-B	۹	۴۰۰	طول میوه، قطر میوه، تعداد عدسک، ضخامت گوشت میوه، طول هسته، تعداد شیار، وزن میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته
IJS9-A	۵	۶۲۰	طول میوه، پستانک، نسبت گوشت به هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه
SCoT5-C	۴	۵۰۰	نسبت گوشت به هسته، طول هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه
CAAT16-A	۴	۴۶۰	شکل هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته
ITS4-C	۴	۳۶۰	طول میوه، شکل هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه
SCoT8-B	۳	۲۸۰	طول میوه، تقارن میوه، ضخامت گوشت میوه
ITS1-A	۳	۶۰۰	طول میوه، تقارن میوه، اندازه عدسک
SCoT7-B	۳	۶۳۰	طول میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته
CAAT11-A	۳	۵۲۰	طول میوه، اندازه عدسک، شکل هسته
SCoT3-D	۳	۳۴۶	طول میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته
ITS7-B	۳	۴۴۰	طول میوه، تعداد شیار، وزن هسته
ITS1-E	۳	۴۱۰	شکل میوه، پستانک، ضخامت گوشت میوه
IJS10-F	۳	۴۵۰	محل بیشترین قطر عرضی میوه، ضخامت گوشت میوه، تعداد شیار
ITS8-D	۳	۳۴۰	محل شروع تغییر رنگ، نوک هسته، وزن هسته
IJS15-D	۲	۲۷۰	طول میوه، وزن هسته
SCoT4-C	۲	۴۰۰	طول میوه، وزن هسته
ITS2-E	۲	۲۱۰	طول میوه، طول هسته
SCoT11-C	۲	۴۸۰	طول میوه، وزن هسته
CAAT13-A	۲	۴۷۰	قطر میوه، وزن گوشت میوه
IJS9-C	۲	۴۶۰	تقارن میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه
SCoT4-A	۲	۴۶۰	تقارن میوه، نسبت گوشت به هسته
CATT3-C	۲	۴۲۰	تقارن میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه
CAAT16-C	۲	۴۶۰	تقارن میوه، نوک هسته
CAAT6-E	۲	۴۵۰	تقارن میوه، تعداد شیار
SCoT2-B	۲	۴۸۰	تقارن میوه، نوک هسته
IJS14-A	۲	۶۴۰	تقارن میوه، محل تغییر شروع رنگ
SCoT9-C	۲	۵۴۰	تقارن میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه

ادامه جدول ۱۱.

آلل	تعداد صفات	طول تقریبی نواری DNA	صفات *
SCoT2-E	۲	۳۶۰	تقارن میوه، شکل هسته
SCoT7-A	۲	۶۴۰	تقارن میوه، شکل هسته
CAAT12-B	۲	۴۹۰	تقارن میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه
SCoT8-A	۲	۳۰۰	شکل میوه، شکل هسته
IJS1-B	۲	۵۳۰	شکل میوه، وزن هسته
IJS7-C	۲	۲۱۰	شکل میوه، تعداد شیار
ITS4-A	۲	۴۲۰	شکل میوه، پستانک
ITS13-D	۲	۲۷۰	شکل میوه، ضخامت گوشت میوه
ITS11-G	۲	۳۰۰	نوک میوه، تعداد شیار
CAAT13-C	۲	۴۸۰	نوک میوه، شکل هسته
ITS14-E	۲	۵۱۰	پستانک، ضخامت گوشت میوه
ITS15-B	۲	۴۵۰	پستانک، تعداد شیار
ITS14-F	۲	۴۲۰	پستانک، وزن هسته
SCoT12-D	۲	۶۵۰	پستانک، اندازه عدسک
CAAT2-E	۲	۴۷۰	پستانک، محل شروع تغییر رنگ
ITS10-C	۲	۴۷۰	پستانک، وزن میوه
CATT3-A	۲	۵۰۰	تعداد عدسک، تعداد شیار
SCoT5-B	۲	۵۲۰	تعداد عدسک، تعداد شیار
ITS6-B	۲	۲۹۰	محل شروع تغییر رنگ، ضخامت گوشت میوه
IJS2-B	۲	۵۱۰	ضخامت گوشت میوه، تعداد شیار
SCoT9-D	۲	۵۱۰	نسبت گوشت به هسته، تعداد شیار
ITS14-A	۲	۷۱۰	شکل هسته، تعداد شیار
IJS7-B	۲	۲۶۰	وزن میوه، وزن گوشت میوه

*، صفاتی که ارتباط آنها با آلل معنی دار شده است.

بحث

در پژوهش حاضر تنوع ژنتیکی قابل توجهی از لحاظ صفات مورفولوژیکی میوه زیتون مشاهده شد. در پژوهش‌های قبلی نیز تنوع ژنتیکی معنی دار در ارقام زیتون با بررسی نشانگرهای ریخت شناختی گزارش شده است (نظامیوند چگینی و همکاران، ۱۳۹۴).

در یک بررسی روی ارقام مختلف زیتون، رقم 'آمیگدالولیا' برای صفات نسبت طول به عرض میوه (۶/۷۴)، طول میوه (۳/۳۳) میلی‌متر و طول هسته بیشترین مقادیر را در بین ارقام مورد بررسی به خود اختصاص دادند که همسو با نتایج پژوهش حاضر است. همچنین، رقم 'تفاهی' با میانگین ۹/۳۵ و ۸/۱۸ گرم، به ترتیب بیشترین وزن میوه و وزن گوشت میوه را به خود اختصاص داد. در مقابل، رقم 'کرونیکی' از نظر صفات وزن میوه و وزن گوشت میوه به ترتیب با میانگین ۰/۸۹ و ۰/۷۱ گرم کمترین میزان این صفات را در بین ارقام داشت. ارقام 'کایسی' و 'کورفولیا' نیز به ترتیب واجد بیشترین و کمترین میزان نسبت گوشت به هسته در بین ژنوتیپ‌ها بودند (عبادی و همکاران، ۱۳۹۷).

در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های زیتون در استان خوزستان رقم 'کنسروالیا' بیشترین تعداد میوه در خوشه و عملکرد میوه را دارا بود. همچنین، رقم‌های 'آمیگدالولیا' و 'آمفی‌سیس' بیشترین میزان روغن را در بین سایر رقم‌ها داشتند. به‌طور کلی، ارقام 'کنسروالیا'، 'کرونیکی'، 'محزم ابوالسطل' بیشترین وزن میوه و عملکرد را در بین ارقام داشتند (عجم‌گرد و زینانلو، ۱۳۹۲).

در بررسی ارتباط بین صفات ارقام مختلف زیتون در منطقه علی‌آباد، طارم، منجیل، گیلوان و جمال‌آباد نشان داده شده است که از بین صفات کمی مورد ارزیابی، بین صفات وزن گوشت میوه با وزن میوه ($0/994^{**}$)، شکل هسته با شکل میوه ($0/947^{**}$)، عرض میوه با وزن میوه و وزن گوشت با عرض میوه ($0/874^{**}$) ارتباط مثبت معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد وجود دارد (نظامیوند چگینی و همکاران، ۱۳۹۴).

در یک بررسی روی ۲۰ رقم زیتون در ایستگاه تحقیقاتی طارم استان زنجان گزارش شده است که تفاوت معنی‌داری و تنوع قابل توجهی در صفات گل و میوه ارقام مورد نظر، امکان‌پذیر است. ارقام بهتر را با در نظر داشتن پارامترهای ژنتیکی فراهم می‌کند. همچنین، بالاترین و پائین‌ترین مقادیر وراثت‌پذیری عمومی به‌ترتیب، در صفات وزن تر هسته ($87/05$ درصد) و درصد تشکیل میوه نهایی ($7/04$ درصد) به‌دست آمد. همچنین، بین صفات درصد روغن میوه با نسبت گوشت به هسته همبستگی مثبت و معنی‌داری مشاهده شد (احمدی و همکاران، ۱۳۹۶).

بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه ساختار ۱۰۸ نمونه زیتون کشت شده (*Olea europaea* L. ssp. *europaea* var. *europaea*) و هشت ژنوتیپ (*O. europaea* L. ssp. *cuspidata* (Wall. ex G. Don) Ciferri) از کلکسیون ژرم پلاسما آمریکا با استفاده از ۱۵ مکان ژنی نشانگر ریزماهواره، تنوع ژنتیکی قابل توجهی بین نمونه‌های مختلف زیتون نشان داده است. نمونه‌ها در سیزده خوشه که با منشا جغرافیایی و ویژگی‌های میوه قابل توصیف بود تقسیم‌بندی شدند (Koehmstedt et al., 2011).

نوری‌زاده و همکاران (۱۳۹۸) گزارش کردند که بین ارقام زیتون مورد بررسی از نظر صفات رویشی و زایشی و درصد روغن اختلاف معنی‌دار وجود دارد. رقم‌های 'تی‌ایکی' با وزن تر میوه $1/71$ گرم رقم 'هالکیدیکس' با $8/38$ گرم به ترتیب کمترین و بیشترین وزن تر میوه را به خود اختصاص دادند. طبق نتایج بیشترین و کمترین مقدار عملکرد میوه به‌ترتیب در رقم‌های 'هالکیدیکس' و 'آگروماناکی' به‌دست آمد.

نتایج یک بررسی روی ۵۰ ژنوتیپ زیتون در استان خوزستان از لحاظ صفات میوه و هسته زیتون نشان داد که بر اساس تجزیه به عامل‌ها، ۱۲ مؤلفه در مجموع $7/78$ درصد از واریانس کل صفات را توجیه نمودند و اولین مؤلفه $42/13$ درصد از واریانس کل را به خود اختصاص داد. علاوه بر این، صفات طول و عرض میوه، هسته و برگ، شکل هسته و برگ، خمش برگ، تعداد شیار هسته، قاعده میوه در موقعیت A، وزن هسته، سطح هسته در موقعیت B، تقارن هسته در موقعیت A، اندازه عدسک روی میوه، توزیع شیار روی هسته، تقارن هسته در موقعیت B از صفاتی بودند که در تفکیک ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آنها نقش داشتند. در این گزارش با استفاده از تجزیه خوشه‌ای صفات، ژنوتیپ‌های مورد بررسی به شش گروه مجزا تقسیم شدند (صفی‌پور و همکاران، ۱۴۰۰).

در یک بررسی با تجزیه رگرسیون گام به گام برای عملکرد زیتون، با وارد شدن صفات طول هسته و در مرحله بعد صفات تعداد گل کامل در گل آذین، تعداد گل در گل آذین و درصد روغن در ماده تر در مدل، در مجموع $77/4$ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه کردند (عبادی و همکاران، ۱۳۹۷).

نتیجه‌گیری و پیشنهادها

این پژوهش حاکی از وجود تنوع ژنتیکی قابل توجهی در میان ژنوتیپ‌های زیتون از نظر صفات مورفولوژیک میوه است که فرصت مناسبی برای انتخاب و بهبود ارقام از طریق اصلاح گیاهی فراهم می‌کند. یافته‌های حاصل از مقایسه میانگین‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های 'کاریدولیا' و 'D1' از نظر اکثر صفات کمی میوه، از جمله طول و قطر میوه، وزن میوه، وزن گوشت و وزن هسته، عملکرد بهتری داشته‌اند. همچنین، ژنوتیپ 'آمیگدالولیا' به دلیل داشتن طول هسته بالا، می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی مرتبط با صفات هسته مورد توجه قرار گیرد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها به چهار گروه منجر شد که در آن گروه سوم به‌عنوان برترین گروه از نظر صفات مطلوبی مانند ابعاد میوه، ضخامت گوشت، نسبت گوشت به هسته و تعداد شیار شناسایی شد.

همبستگی شدید بین وزن میوه با وزن گوشت و وزن هسته، و همچنین نتایج تجزیه رگرسیون، نشان داد که این صفات کلیدی‌ترین مؤلفه‌های تعیین‌کننده عملکرد میوه هستند. وجود ارتباط معنی‌دار بین برخی آلل‌های مولکولی (مانند SCOT21-B و IJS9-A) با صفات مهم، امکان استفاده از نشانگرهای مولکولی را برای غربال‌گری زود هنگام ژنوتیپ‌های مطلوب فراهم می‌کند. ژنوتیپ 'D1' به‌ویژه به دلیل برتری چندوجهی در صفات کمی، کاندیدای ایده‌آلی برای استفاده به‌عنوان والد در برنامه‌های هیبریداسیون است. همچنین، ژنوتیپ 'کاریدولیا' به دلیل تعداد بالای عدسک و ابعاد بزرگ میوه، از نظر کیفیت فراوری و صادراتی اهمیت ویژه‌ای دارد. یافته‌های این مطالعه می‌تواند در طراحی برنامه‌های اصلاحی هدفمند، انتخاب والدین مناسب و بهبود کیفیت و عملکرد میوه زیتون مورد استفاده قرار گیرد. بنابراین، تلفیق داده‌های مورفولوژیک و مولکولی در این تحقیق، پایه‌ای محکم برای توسعه ارقام جدید زیتون با ویژگی‌های مطلوب فراهم کرده است. از اطلاعات به دست آمده در این تحقیق می‌توان در برنامه‌های هیبریداسیون ارقام استفاده نمود.

سپاسگزاری

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از همکاری ایستگاه تحقیقات زیتون شهرستان طارم و مرکز تحقیقات کشاورزی استان زنجان جهت تأمین مواد گیاهی پژوهش حاضر تشکر و قدردانی نمایند.

منابع

- ابراهیم نیا، سمیه؛ سیفی، اسماعیل؛ همتی، خدایار. و فریدونی، حسین (۱۳۹۸). بررسی تنوع ریخت شناختی بعضی از ژنوتیپ‌های زیتون منطقه گرگان. *پژوهش‌های تولید گیاهی (علوم کشاورزی و منابع طبیعی)*، ۲۶(۴)، ۹۷-۱۱۳.
- احمدی، زهرا؛ سلیمانی، علی؛ طاهری، مهدی و صبا، جلال (۱۳۹۶). روابط بین صفات گل و میوه در برخی ارقام زیتون در شرایط آب و هوایی طارم. *مجله به‌نژادی نهال و بذر*، ۳۳(۳)، ۲۸۳-۲۹۷.
- تقی زاده، امیرعباس؛ زینالو، علی اصغر و امینیان دهکردی، رقیه (۱۳۹۹). ارزیابی میانگین‌گیری متحرک بر مطالعات سازگاری زیتون (*Olea europaea* L.). *نشریه علمی پژوهشی دانش کشاورزی و تولید پایدار*، ۳۰(۳)، ۳۰۹-۲۹۵.
- حسینی قیداری، فرشته و طاهرنژاد، زهرا (۱۳۹۸). بررسی تنوع ژنتیکی دو ژنوتیپ برتر زیتون استان قم در مقایسه با برخی ارقام تجاری موجود در باغ فدک این استان با استفاده از صفات ریخت‌شناسی و نشانگرهای ISSR. *تولیدات گیاهی*، ۴۲(۳)، ۳۷۳-۳۸۶.
- سیستانی، فاطمه؛ رمضان‌پور، سیده ساناز؛ سلطانلو، حسن و سیفی، اسماعیل. (۱۳۹۱). *تجزیه خوشه‌ای و تجزیه واریانس در ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های زیتون برای صفات کمی*. دوازدهمین کنگره ژنتیک ایران، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران، ۱-۳ خرداد.
- صادقیان مطهر، س.ی.، نانکلی، ع.، زینالو، ع.ع. و قنواتی، ف. (۱۳۹۷). دستورالعمل ملی برای انجام آزمایشات تمایز، یکنواختی و پایداری، مؤسسه گواهی و ثبت بذر و گیاه. ۲۶-۱.
- صفی پور، سیروس؛ خالقی، اسمعیل و معلمی، نوراله (۱۴۰۰). ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف زیتون در برخی از شهرستان‌های استان خوزستان با استفاده از نشانگر مورفولوژیک. *تولیدات گیاهی*، ۴۴(۱)، ۱-۱۲.
- عبادی، رحیم؛ بی‌همتا، محمد رضا و بهمنی، رامین (۱۳۹۷). بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه رگرسیون برخی صفات در ۳۰ رقم زیتون ایرانی و خارجی با استفاده از صفات کمی و کیفی. *علوم باغبانی ایران*، ۴۹(۴)، ۸۴۵-۸۵۸.
- عجم‌گرد، فریدون و زینالو، علی اصغر (۱۳۹۲). مقایسه عملکرد کمی و کیفی ارقام زیتون در شمال استان خوزستان. *مجله به‌نژادی نهال و بذر*، ۲۹(۳)، ۵۶۷-۵۷۹.
- گل‌محمدی، محمد؛ سفالین، امید؛ احمدی، جعفر؛ طاهری، مهدی؛ قنبری، علیرضا و رسولی، ولی‌اله (۱۳۹۷). ارزیابی تنوع ژنتیکی در برخی ارقام ایرانی و خارجی و ژنوتیپ‌های امیدوارکننده زیتون با استفاده از نشانگرهای ISSR. *فصلنامه ژنتیک نوین*، ۱۳(۴)، ۴۷۹-۴۸۷.
- متقی، لیلا؛ حسینی‌مزیانی، سیدمهدی و جباری، حمید (۱۳۹۱). بررسی تنوع ژنتیکی برخی ارقام زیتون ایران با استفاده از نشانگرهای

RAPDs گیاه و زیست بوم، ۸(۳۳)، ۹۱-۱۰۴.

مردی، محسن؛ زین العابدینی، مهرشاد؛ زینالو، علی اصغر؛ خیام نکوئی، سید مجتبی؛ جمالی، سید حسین؛ کاوند، عبدالرضا؛ پتکی، پیام؛ احمدی، کریم؛ عبدی، سعید؛ شمس کیا، فرشاد؛ خوشکام، صغری؛ طاهر نژاد، زهرا و لونی، علی اکبر (۱۳۹۵). کاربرد نشانگرهای ریزماهوره جهت شناسایی و ثبت ارقام زیتون. نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی، ۲۳(۱)، ۱-۲۱.

نظامیوند چگینی، مهناز؛ سمیع زاده لاهیجی، حبیب‌اله؛ رمضانی ملک‌رودی، محمد و محسن‌زاده گلفزانی، محمد (۱۳۹۴). بررسی تنوع ژنتیکی چهار رقم زیتون از طریق نشانگرهای ریخت‌شناختی. به‌نژادی گیاهان زراعی و باغی. ۳(۲)، ۲۰۱-۲۱۳.

نوری‌زاده، محمد؛ عظیمی، محمود و عبدالمهی، عزیزاله (۱۳۹۸). بررسی سازگاری تعدادی از ارقام زیتون یونانی در منطقه طارم. نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان. ۲۶(۳)، ۱۵۳-۱۶۶.

REFERENCES

- Abdelhamid, S., Grati-kamiun, N., Marra, F. & Caruso, T. (2011). Genetic similarity among Tunisian cultivated olive estimated through SSR markers. *Scientia Agricola*, 70(1), 33-38. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162013000100006>.
- Ahmadi, Z., Soleimani, A., Taheri, M. & Saba, J. (2017). Correlation between flower and fruit characteristics in some olive cultivars in climatical conditions of Tarom. *Seed and Plant Improvement Journal*, 33(3), 283-297. (In Persian). <https://doi.org/10.22092/spij.2017.116654>.
- Ajamgard, F. & Zeinaloo, A. A. (2013). Comparison of quantitative and qualitative yield of olive cultivars in north of Khuzestan province, Iran. *Seed and Plant Journal*, 29(3), 567-579. (In Persian). <https://doi.org/10.22092/spij.2017.111176>.
- Alba, V., Montemurro, C., Sabetta, W., Pasqualone, A. & Blanco, A. (2009). SSR-based identification key of cultivars of *Olea europaea* L. diffused in Southern-Italy. *Scientia Horticulturae*, 123(1), 11-16. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2009.07.007>.
- Albertini, E., Torricelli, R., Bitocchi, E., Raggi, L., Marconi, G., Pollastri, L., Di Minco, G., Battistini, A., Papa, R. & Veronesi, F. (2011). Structure of genetic diversity in *Olea europaea* L. cultivars from central Italy. *Molecular breeding*, 27, 533-547. <https://doi.org/10.1007/s11032-010-9452-y>.
- An, Z. W., Xie, L. L., Cheng, H., Zhou, Y., Zhang, Q., He, X. G. & Huang, H. S. (2009) A silver staining procedure for nucleic acids in polyacrylamide gels without fixation and pretreatment. *Analytical Biochemistry*, 391(1), 77-79. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2009.04.036>.
- International olive oil council (2000). *World catalogue of olive varieties*. 360 pp.
- Collard, B. C. & Mackill, D. J. (2009). Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant Molecular Biology Reporter*, 27, 86-93. <https://doi.org/10.1007/s11105-008-0060-5>.
- Ebadi, R., Bihamta, M. R. & Bahmani, R. (2019). Assessment of genetic variation between some of the Iranian and foreign olive cultivars with using of quantitative and qualitative traits. *Iranian Journal of Horticultural Science*, 49(4), 845-858. (In Persian). <https://doi.org/10.22059/ijhs.2018.270376.1548>.
- Ebrahimnia, S., Seifi, E., Hemmati, K. H. & fereidooni, H. (2019). Study of morphological diversity in some olive genotypes of Gorgan region. *Journal Plant Production*, 26(4), 97-113. (In Persian). <https://doi.org/10.22069/jopp.2019.15418.2379>.
- Ercisli, S., Ipek, A. & Barut, E. (2011). SSR marker-based DNA fingerprinting and cultivar identification of olives (*Olea europaea* L.). *Biochemical Genetics*, 49(9-10), 555-561. <https://doi.org/10.1007/s10528-011-9430-z>.
- Ghanbari, A. & Estaji, A. (2019). ISSR analysis for determination of genetic diversity in 29 olive (*Olea europaea* L.) cultivars. *Iranian journal of Genetics and Plant Breeding*, 7(1), 31-40. (In Persian). <https://doi.org/10.30479/ijgpb.2019.9207.1206>.

- Golmohammadi, M., Sofalian, O., Ahmadi, J., Taheri, M., Ghanbari, A. & Rasoli, V. (2018). Evaluation of genetic variation in some Iranian and foreign cultivars and promising genotypes of olive using ISSR markers. *Modern Genetics Journal* 13(4), 479-487. (In Persian). <http://mg.genetics.ir/article-1-83-fa.html>
- Hosseini Gheydari, F. & Tahernezhad, Z. (2019). Genetic analysis of some genotypes and varieties of olive in Qom province using morphological and ISSR markers. *Plant Productions*, 42(3), 373-386. (In Persian). <https://doi.org/10.22055/ppd.2019.23698.1521>.
- IBM Corp. Released. 2010. IBM SPSS Statistics for Windows, Version 19.0. Armonk, NY: IBM Corp.
- Koehmstedt, A. M., Aradhya, M. K., Soleri, D. Smith, J. L., & Polito, V. S. (2011). Molecular characterization of genetic diversity, structure, and differentiation in the olive (*Olea europaea* L.) germplasm collection of the United States Department of Agriculture. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 58(4), 519-531. <https://doi.org/10.1007/s10722-010-9595-z>.
- Mardi, M., Zeinalabedini, M., Zeinaloo, A. A., Khayam Nekouei, M., Jamali, S. H., Kavand, A. R., Potki, P., Ahmadi, K., Abdi, S., Shamskia, F., Khoshkam, S., Tahernejad, Z. & Loni, A. A. (2016). Application of microsatellite markers for Identification and registration of olive cultivars. *Journal of Plant Production Research*, 23(1), 1-21. 20.1001.1.23222050.1395.23.1.2.6.
- Milotić, A., Šetić, E., Peršuric, D., Poljuha, D., Sladonja, B. & Brščić, K. (2005). Identification and characterization of autochthonous olive varieties in Istria (Croatia). *Annales: Series Historia Naturalis*, 15 (2), 251-256. <http://www.dlib.si/details/URN:NBN:SI:doc-HITADHIV>.
- Motaghi, L., Mazinani, S. M. & Jabari, H. (2012). Evaluation of genetic diversity in some Iranian olive cultivars using RAPD markers. *Plant and Ecology System*, 8(33), 91-104. (In Persian).
- Nezamivand Chegini, M., Samizadeh Lahiji, H., Ramezani Malakroodi, M. & Mohsenzadeh Golfazani, M. (2015). Assessment of genetic diversity among four olive cultivars using morphological markers. *Journal of Applied Crop Breeding*, 3(2), 201-213. (In Persian).
- Nourizadeh, M., Azimi, M. & Abdullahi, A. A. (2019). Study on the adaptability of some Greek olive varieties in Tarom region. *Journal of Plant Production*, 26(3), 153-166. <https://doi.org/10.22069/jopp.2019.15445.2391>.
- Omran-Sabbaghi, A., Shahriari, M., Falahati-Anbaran, M., Mohammadi, S. A., Nankali, A., Mardi, M. & Ghareyazie, B. (2007). Microsatellite markers-based assessment of genetic diversity in Iranian olive (*Olea europaea* L.). *Collections Scientia Horticulturae*, 112(4), 439-447. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2006.12.051>.
- Rafalski, A., Gidzinska, M. & Wisniewska, I. (1997). PCR-based systems for evaluation of relationships among maize inbreds. *Genetics and Biotechnology of Maize and Sorghum. Royal Society Chemistry Cambridge. UK*, 106-111.
- Ramesh, P., Mallikarjuna, G., Sameena, S., Kumar, A., Gurulakshmi, K., Reddy, B. V. & Sekhar, A. C. (2020). Advancements in molecular marker technologies and their applications in diversity studies. *Journal of Biosciences*, 45, 123. <https://doi.org/10.1007/s12038-020-00089-4>.
- Sadeghian Motahar, S. Y., Nankali, A., Zinanlo, A. A. & ghanavati, F. (2019). National guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability, *Seed and Plant Certification and Registration Institute*, 1-26. (In Persian).
- Safipour, S., Khaleghi, E. & Moallemi N. (2021). Evaluation of genetic diversity of different olive genotypes in some cities of Khuzestan province using morphological marker. *Plant Productions*, 44(1), 1-12. (In Persian). <https://doi.org/10.22055/ppd.2019.26385.1622>.
- Saghai-Marouf, M. A., Soliman, K. M., Jorgensen, R. A. & Allard, R. W. (1984). Ribosomal DNA spacer length polymorphism in barley: mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 81(24), 8014-8019. <https://doi.org/10.1073/pnas.81.24.8014>.
- Singh, A. K., Rana, M. K., Singh, S., Kumar, S., Kumar, R. & Singh, R. (2014). CAAT box-derived

- polymorphism (CBDP): a novel promoter-targeted molecular marker for plants. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 23, 175-183. <https://doi.org/10.1007/s13562-013-0199-5>.
- Sistani, F., Ramezanpour, S. S., soltanloo, H. & seifi, E. (2012, 21-23 May). *Cluster analysis and variance analysis in evaluation of genetic diversity olive genotypes for quantative traits*. 12th Iranian Genetics Congress, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran. (In Persian).
- Taghizadeh, A. A., Zeinanloo, A. A & Aminian Dehkordi, R. (2020). Evaluation of moving averages on stability studies of olive (*Olea Europaea* L.). *Journal of Agricultural Science and Sustainable Production*, 30(3), 295-309. (In Persian). <https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.24764310.1399.30.3.17.2>