



Use of Multivariate Statistical Analysis for Group Selection of Genotypes of two Segregating Populations of Melon

Safdar Pour Mombeini¹ , Mahmoud Lotfi² , Hossein Ramshini³ 

1. Department of Horticulture, Agricultural College of Abouraihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran. E-mail: poormombeini91@gmail.com

2. Department of Horticulture Sciences, Agricultural College of Abouraihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran. E-mail: mlofti@ut.ac.ir

3. Corresponding Author, Department of Agronomy and Plant breeding Sciences, Aburaihan Campus, University of Tehran, Pakdasht, Iran. E-mail: ramshini_h@ut.ac.ir

Article Info

Article type:

Research Article

Article history:

Received: 28 September 2022

Received: 13 February 2023

Accepted: 6 March 2023

Published online: 22 June 2023

Keywords:*Bi-Plot,**Genetic efficiency,**Path analysis,**Diversity coefficient,**PCA.**Stepwise regression.*

ABSTRACT

Cantaloupe is one of the most important vegetable crops in Iran. In recent years, due to some problems, such as low sweetness and fruit yield, plant death diseases, and the indiscriminate introduction of foreign commercial hybrid cultivars, the genetic resources of this product have been severely eroded. Therefore, in this research the crossing of important local cultivars such as Saveh and Niagara with the commercial and selected F1 cultivar Galia was considered to combine the best traits and select the best genotypes of the F2 generation by pedigree selection method and continuity of generations. This experiment was carried out in the Faculty of Agricultural Technology (Aboureyhan Campus) University of Tehran research farm. The selection of the best genotypes was done in three stages (natural screening in the field for disease, virus, and mite resistance, evaluation based on qualitative traits in the laboratory, and final selection of genotypes based on the results obtained from multivariate analysis of quantitative traits). The results showed that in Niagara × Galia (NGF2) population, general heritability was high for all the evaluated traits except the fruit shape index. In the Saveh × Galia (SGF2) population flesh thickness, soluble solids and fruit harvest date had the highest heritability. The results showed that the traits included in the stepwise regression model accounted for 90.3 and 80.3 percent of the total changes related to fruit weight in NGF2 and SGF2 populations, respectively. Based on the principal component analysis, in NGF2 and SGF2 populations, two principal components explained 71.88 and 71.31% of the data variance, respectively. Based on the results of the bi-plot analysis, 30 NGF2 and 53 SGF2 genotypes were selected, and cultivated in order to continue generations and reach pure parental lines in the F3 generation.

Cite this article: Pour Mombeini, S., Lotfi, M., & Ramshini, H. (2023). Use of Multivariate Statistical Analysis for Group Selection of Genotypes of two Segregating Populations of Melon. *Iranian Journal of Horticultural Science*, 54 (2), 301-320. DOI: <http://doi.org/10.22059/IJHS.2023.348238.2063>



© The Author(s).

DOI: <http://doi.org/10.22059/IJHS.2023.348238.2063>**Publisher:** University of Tehran Press.

Extended Abstract

Introduction

Cantaloupe is one of the most important vegetable crops of Iran. In recent years, due to some problems such as low sweetness and fruit yield, high sensitivity to virus contamination and consequent plant death, and especially the excessive import of foreign commercial hybrid cultivars, the genetic reserves of this product have been eroded. Therefore, the crossing of two important indigenous varieties, Saveh and Samsoori, with the severely commercial and selected F1 variety "Cory" in the Galia group, was done to combine the best traits and select the best genotypes of the F2 generation.

Materials and methods

In this research, parental cross were performed between Samsoori (round fruit, striped and slightly fruiting ridges, light cream skin color, fully reticulated, low shelf life, green flesh, medium sweetness, with commercial

name of Niagara), and Saveh (round fruit, orange skin color, fully reticulated, netting, with high transportability and shelf life, green flesh and low sweetness, low yield) cultivars both as paternal parents, with F1 hybrid, "Cory" (round fruit, fully reticulated, none striped and ridges, yellow skin background color, very high transportability and shelf life, green flesh, high and stable sweetness, with the aggregation of some resistance genes related to types of damping off and viral diseases, as the maternal parent. The research was carried out in the spring of 2016 at the educational-research farm of the faculty of agricultural technology (Aboureyhan campus), University of Tehran, Pakdasht. The seeds of the first generation resulting from the crossing were planted in the greenhouse in the autumn of the same year and self-pollinated. In order to create a large and diverse population to select the best genotypes, in the spring of 2017, seeds from the F2 generation, including 1000 seeds from the crossing of Samsoori with Galia, and 1500 seeds resulting from the Saveh with Galia crossing, along with their parents and also the first generation seeds, were planted in the seed tray. After four weeks, the seedlings were transplanted, with an interval of 80 x 170 cm, in a rented farm land located in Filistan village, Pakdasht. Controlled pollination (isolation of male and female flowers in the evening before mating and inoculation by hand the next morning) was done for all the plants. So that each plant has at least one fruit that self-fertilized to next generation. The selection was done by pedigree method. After all the plants were sterilized, the health of the plants was evaluated against common and important fungal, viral and mite contamination under the natural conditions of the farm by scoring the severity of the infections. Quantitative and qualitative fruit traits were measured based on nominal, ordinal, and interval scales. To select the best genotypes, in addition to natural selection and recording of quantitative traits in the laboratory, multivariate analysis of quantitative traits was also performed.

Results and discussion

The results showed that in (Samsoori) Niagara × Galia (NGF2) population, the general heritability parameter was high for all evaluated traits except the fruit shape index. In Saveh×Galia (SGF2) population, flesh thickness, soluble solids, and fruit harvest date had the highest heritability values. The results also, showed that the traits included in the stepwise regression model accounted for 90.3 and 80.3 percent of the total variation related to fruit weight in NGF2 and SGF2 populations, respectively. According to the results obtained from principal components analysis, in NGF2 and SGF2 populations, two principal components explained 71.9 and 71.3 percent of the data variance, respectively. Based on the results obtained from bi-plot analysis, the top 30 NGF2 genotypes and the top 53 SGF2 genotypes were selected and cultivated to produce the F3 generation, continue the generations and finally obtaining inbred lines.

Conclusion

The results indicate that, the optimal use of foreign genetic resources should be considered to improve the native cantaloupe and melon cultivars, and create superior genotypes. This facilitates the acquisition of economically important genes by breeders, which have been eroded over time. Another advantage of this process is that these foreign sources are abundantly available. The conspicuous finding of this research was that the two top native cantaloupe cultivars of Iran are known to have some undesirable traits, such as relatively low sweetness, low yield, and low tolerance to some pests and diseases. Therefore, the introduction of desirable alleles of foreign commercial hybrid cultivars, especially those of the "Galia" group and possible "pineapple" into Iranian cantaloupe genotypes will be promising.



استفاده از تجزیه‌های آماری چند متغیره برای گزینش گروهی ژنوتیپ‌های دو جمعیت در حال تفرق طالبی

صفدر پورمبینی^۱ | محمود لطفی^۲ | حسین رامشینی^۳

۱. گروه علوم باغبانی، دانشکده‌گان ابوریحان، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران. رایانامه: poormombeini91@gmail.com

۲. گروه علوم باغبانی، دانشکده‌گان ابوریحان، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران. رایانامه: mlofti@ut.ac.ir

۳. نویسنده مسئول، گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات - دانشکده‌گان ابوریحان - دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران. رایانامه: ramshini_h@ut.ac.ir

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله:	طالبی یکی از مهمترین محصولات جالیزی ایران است. در سال‌های اخیر به دلیل برخی مشکلات از جمله پایین بودن شیرینی و عملکرد میوه، بیماری‌های بوتهمیری و ورود بی‌رویه ارقام هیبرید تجاری خارجی، ذخایر ژنتیکی این محصول دچار فرسایش شدید شده است. بنابراین در این پژوهش تلاقی ارقام مهم بومی ساوه و نیاگارا (با نام محلی سمسوری) با رقم F1 تجاری و منتخب گالیا جهت ترکیب بهترین صفات و گزینش بهترین ژنوتیپ‌های نسل F2 به روش شجره ای و تداوم نسل‌ها انجام گرفت. گزینش برترین ژنوتیپ‌ها در سه مرحله (غربالگری طبیعی در مزرعه برای مقاومت به بیماری، ویروس و کنه، ارزیابی بر اساس صفات کیفی در آزمایشگاه و گزینش نهایی ژنوتیپ‌ها بر اساس نتایج آنالیز چندمتغیره صفات کمی) صورت پذیرفت. نتایج نشان داد در جمعیت نیاگارا × گالیا (NGF2) وراثت‌پذیری عمومی برای همه صفات مورد ارزیابی به جز شاخص شکل میوه بالا بود. در جمعیت ساوه × گالیا (SGF2)، ضخامت گوشت، مواد جامد محلول و تاریخ برداشت میوه دارای بالاترین وراثت‌پذیری بودند. همچنین صفات وارد شده به مدل رگرسیونی گام به گام به ترتیب ۹۰/۳ و ۸۰/۳ درصد از کل تغییرات مربوط به وزن میوه را به ترتیب در دو جمعیت NGF2 و SGF2 توجیه کردند. بر اساس نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی، در جمعیت NGF2 و SGF2 دو مولفه اصلی به ترتیب ۷۱/۹ و ۷۱/۳ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه نمودند. بر اساس نتایج تجزیه بای پلات ۳۰ ژنوتیپ برتر NGF2 و ۵۳ ژنوتیپ برتر SGF2 گزینش شد که جهت تداوم نسل‌ها و رسیدن به لاین‌های خالص برتر در نسل F3 کشت شدند.
مقاله پژوهشی	
تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۷/۰۶	
تاریخ بازنگری: ۱۴۰۱/۱۱/۲۴	
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۲/۱۵	
تاریخ انتشار: ۱۴۰۲/۰۴/۰۱	
کلیدواژه‌ها:	
نمودار دو بعدی، بازده ژنتیکی، تجزیه مسیر، ضریب تنوع، تجزیه به مولفه‌های اصلی، رگرسیون گام به گام.	

استناد: پورمبینی، صفدر؛ لطفی، محمود؛ و رامشینی، حسین (۱۴۰۲). استفاده از تجزیه‌های آماری چند متغیره برای گزینش گروهی ژنوتیپ‌های دو جمعیت در حال تفرق طالبی. نشریه علوم باغبانی ایران، ۵۴ (۲)، ۳۰۱-۳۲۰. DOI: <http://doi.org/10.22059/IJHS.2023.348238.2063>



© نویسندگان.

DOI: <http://doi.org/10.22059/IJHS.2023.348238.2063>

ناشر: مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران.

مقدمه

طالبی به گروه مهمی (*Cantalupensis*) از انواع اقتصادی گونه *Cucumis melo* L (Cucurbitaceae; $2n=2x=24$) اطلاقی می‌شود که سابقه کشت و مصرف بسیار طولانی در فلات ایران دارد. ایران یکی از مراکز ثانویه تنوع و اهلی شدن خربزه و طالبی بود (Pitrat, 2008) و با تولید بیش از یک میلیون و ششصد هزار تن در سال (FAO, 2016) جزو پنج کشور برتر تولید کننده این محصول در جهان به شمار می‌رود (FAO, 2019). ارقام و توده‌های داخلی طالبی از کیفیت و طعم مطلوب برخوردار هستند. با این حال، به دلیل عملکرد پایین و حساسیت بالا نسبت به انواع بیماری‌های قارچی و ویروسی (Shahriary & Torabi, 2012; Shirali, et al., 2015)، سیر صعودی و روز افزون واردات ارقام خارجی به کشور وجود دارد، که از پیامدهای آن از بین رفتن ژرم‌پلاسم این محصول است. حفظ منابع ژنتیک گیاهی، به عنوان ذخایر ارزشمند طبیعی و ایجاد ارقام گیاهی با عملکرد بالا به منظور دستیابی به امنیت غذایی، منوط به ایجاد، قابل دسترس بودن و حفظ آن می‌باشد. بدین جهت، ایجاد جمعیت‌های بزرگ ناشی از تلاقی نمونه‌های بومی و ارقام برتر خارجی، جمع‌آوری، طبقه‌بندی و بررسی تنوع ژنتیکی گسترده ارقام بومی جهت تقویت و حفاظت از این خزانه بزرگ ژنتیکی بسیار ضروری است. ناگزیر باید ترتیبی اتخاذ نمود تا ضمن حفاظت از منابع موجود، تنوع ژنتیکی این محصول را از طریق تلاقی نمونه‌های بومی با ارقام اصلاح شده تجاری و تولید لاین‌های جدید بالا برد.

در برنامه‌های به‌نژادی، وجود تنوع کافی و آگاهی از آن در جمعیت‌های در حال تفرق پیش نیاز اصلی و اولین گام در گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها و اصلاح گیاهان است. لذا، در اولین نسل‌های در حال تفرق مانند F_2 بهتر است میزان تنوع ژنتیکی برآورد شود. برآورد ضرایب تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی در این خصوص اهمیت بالایی دارد. تنوع ژنتیکی پایه و اساس گزینش فنوتیپی، ژنوتیپی و اصلاح کمی و کیفی گونه‌های گیاهی است. آگاهی از تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی برای انتخاب والدین در جهت دستیابی به هیبریدهای مناسب و پیش‌بینی بنیه هیبرید، به ویژه در محصولاتی که هیبرید آنها ارزش تجاری دارند، مهم است (Mohammadi & Prasanna, 2003). وزن متوسط میوه و عملکرد به عنوان مهمترین صفات اقتصادی و ارتباط بین آنها با سایر صفات در جهت گزینش ارقام، تعیین والدها و گزینش ژنوتیپ‌ها برای تولید ارقام هیبرید و اندازه‌گیری مستقیم عملکرد و وزن از سودمندی کمی برخوردار است. شناسایی اجزاء عملکرد و رابطه آنها با عملکرد میوه می‌تواند در گزینش ارقام و ژنوتیپ‌های پر محصول و استفاده از تنوع موثر واقع شود. تعیین همبستگی بین صفات مختلف، به ویژه عملکرد میوه و اجزای آن و تعیین روابط علت و معلول آنها، به به‌نژادگران این فرصت را می‌دهد که مناسب‌ترین ترکیب اجزاء را که منتهی به عملکرد بالا و ایجاد تنوع می‌شود، انتخاب نمایند. بنابراین، یکی از بهترین روش‌ها برای حفظ و تقویت ژرم‌پلاسم بومی این محصول و ایجاد تنوع، اصلاح آنها برای صفات مهم اقتصادی و مقاومت به آفات و بیماری‌ها است.

پیشینه پژوهش

روش‌های زیادی برای اندازه‌گیری تنوع و گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها وجود دارد. با تجزیه براساس روش‌های آماری تک متغیره، هر صفت به طور جداگانه تجزیه می‌شود ولی میزان تفاوت ژنوتیپ‌های مورد بررسی را زمانی که صفات اندازه‌گیری شده با یکدیگر همبستگی داشته باشند توصیف نمی‌کند (Yeater et al., 2004). روش‌های چند متغیره مانند تجزیه به مولفه‌های اصلی می‌توانند در این زمینه کمک کنند. یکی از اهداف استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، کاهش حجم داده‌ها است. در این روش، با بررسی همبستگی بین متغیرها می‌توان به روابط بین صفات پی برد. در تجزیه به مؤلفه‌ها، رابطه همبستگی بین تعداد زیادی متغیر وابسته، به وسیله چند مؤلفه مستقل بیان می‌شود. نقش هر یک از صفات در تنوع موجود مشخص می‌شود. سپس براساس رسم مولفه‌های مهم و کارآمد می‌توان اقدام به گزینش و تشخیص ارقام و ژنوتیپ‌های برتر نمود.

عملکرد میوه یک ویژگی پیچیده است و به تعدادی از صفات بستگی دارد. روابط متقابل بین عملکرد و اجزاء آن باعث بهبود کارایی یک برنامه اصلاحی با مبنای انتخاب مناسب خواهد شد (Feyzian *et al.*, 2009). مطالعات همبستگی به تنهایی نشان دهنده روابط متقابل بین صفات وراثتی نیست و ممکن است منجر به نتایج منفی شود. تحلیل همبستگی فقط ماهیت و میزان آن را نشان می‌دهد (Prajapati *et al.*, 2022). یک صفت چند ژنی مانند عملکرد میوه، تحت تأثیر اجزای مختلف آن به طور مستقیم و غیرمستقیم از طریق سایر صفات که شرایط پیچیده‌ای را در مقابل یک اصلاح‌گر برای انتخاب ایجاد می‌کند قرار می‌گیرد (Prajapati *et al.*, 2022). بنابراین، ضرایب علیت برای نشان دادن روابط علت و معلولی یک مجموعه از متغیرهای مستقل و وابسته به کار می‌رود و می‌توان با استفاده از تجزیه علیت، به اطلاعات تکمیلی (اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات) جهت گزینش بهتر ژنوتیپ‌ها دست یافت که عموماً در همبستگی‌های ساده مشاهده نمی‌شوند.

در بررسی تنوع ۱۹۲ لاین طالبی و خربزه در سطح S1، بیشترین همبستگی مثبت بین طول و قطر میوه مشاهده شد. از سوی دیگر، بیشترین همبستگی منفی بین pH و TSS گزارش گردید (Kayak & Türkmen., 2022). بررسی تنوع ژنتیکی ۹۱ ژنوتیپ کدو گرد تلخ، بر اساس تجزیه به مولفه‌ها نشان داد هفت مولفه اول بیش از ۹۷/۵ درصد تجمعی از کل تغییرات را به خود اختصاص داده است. در دو مولفه اول ۵۰ درصد از کل تغییرات را به خود اختصاص دادند که نشان دهنده درجه بالایی از همبستگی بین صفات مورد تجزیه و تحلیل است (Mahapatra *et al.*, 2022). در یک تحقیق با ارزیابی تنوع ژنتیکی طالبی و خربزه نشان داده شد که میانگین صفات وزن میوه، تعداد میوه، قطر میوه (طول)، قطر حفره عرضی و قطر میوه در مدل رگرسیون گام به گام قرار گرفتند. در صورتی که سایر صفات به دلیل عدم تأثیر معنی‌دار بر عملکرد از مدل حذف شدند (Soltani *et al.*, 2022).

در مورد همبستگی و تحلیل ضرایب مسیر در خربزه هم، ارتباط مثبت طول ساقه با تعداد شاخه فرعی در ساقه، تعداد میوه در خوشه، طول حفره بذری و عملکرد میوه و ضخامت گوشت با قطر میوه، عرض حفره میوه و ضخامت پوست گزارش شد. بررسی ۲۱ رقم کدو (*Cucurbita pepo*) نشان داده است که بین وزن میوه با ضخامت گوشت میوه، قطر حفره عرضی میوه، طول و عرض میوه همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود دارد (Darrudi *et al.*, 2018). هدف از این تحقیق، انجام تلاقی بین دو رقم طالبی بومی سمسوری (با نام تجاری نیاگارا) و توده بومی و ناهمگن ساوه به عنوان دو والد پدری، برتر و منتخب داخلی، با رقم هیبرید تجاری F₁ گالیا، بررسی تنوع ژنتیکی دو جمعیت در حال تفکیک آنها (نیاگارا × گالیا و ساوه × گالیا) و نهایتاً دست یابی به ژنوتیپ‌های برتر دارای ترکیبی از ویژگی‌های مهم والدین (خطوط و رگه‌های پوست، شبکه پوست، شیرینی بالا، زودرسی، دارابودن وزن و عملکرد بالا و مقاومت نسبی به بیماری‌ها و ویروس‌ها) بود.

روش‌شناسی پژوهش

رقم بومی ساوه با میوه اندکی پهن تا گرد، خط دار، رنگ زمینه پوست نارنجی تا قهوه‌ای روشن، کاملاً مشبک و سفت با قابلیت حمل و نقل و ماندگاری بالا، گوشت سبز، بافت مطلوب و شیرینی پایین، و دیررس (Pouyesh *et al.* 2017) مشخص می‌شود. رقم بومی نیاگارا نیز دارای میوه اندکی پهن، خط‌دار و اندکی شیاردار، رنگ زمینه پوست کرمی روشن، کاملاً مشبک، قابلیت حمل و نقل و ماندگاری ضعیف، گوشت سبز، آبدار و شیرینی متوسط، تشکیل میوه متمرکز و بسیار زودرس (Jariani *et al.*, 2022) می‌باشد. این ارقام به عنوان والد پدری با رقم خارجی تجاری F₁ در گروه گالیا (با میوه گرد، کاملاً مشبک، بدون خط و شیار، رنگ زمینه پوست زرد تا کرم، قابلیت حمل و نقل و ماندگاری بسیار بالا، گوشت سبز، بافت سفت و شیرینی بسیار بالا و پایدار، و مقاومت بالا نسبت به انواع بوته‌میری و بیماری‌های ویروسی (Pitrat, 2008) به عنوان والد مادری جهت تشکیل دو جمعیت بزرگ در حال تفرق در مزرعه تحقیقاتی دانشکده فناوری کشاورزی (پردیس ابوریحان) دانشگاه تهران در بهار ۱۳۹۶ تلاقی داده شدند.

ارقام ساوه و نیاگارا از سال‌ها پیش در بانک ژن دانشکده کشت شده و با توجه به خودگشنی مکرر تک‌بوته‌ها، نسبتاً خالص شده‌اند. تلاقی نیاگارا × گالیا تحت عنوان NG و تلاقی ساوه × گالیا به عنوان SG نام‌گذاری شد. بذور نسل F₁ دو تلاقی در پاییز سال ۱۳۹۶ در گلخانه کشت و خودگشن شد. اگرچه در نسل F₁ گزینش انجام نشد اما با توجه به ناهمگن بودن بیشتر والد ساوه نسبت به نیاگارا، جمعیت SGF₁ دارای تنوع بالاتری نسبت به جمعیت NGF₁ بود. بنابراین از جمعیت SGF₁ ۳۰ بوته و از جمعیت NGF₁ ۱۰ بوته جهت کاشت در سال بعد و تداوم نسل‌ها انتخاب شده و خودگشن شدند. در بهار ۱۳۹۷ نسل دوم در یک مزرعه استیجاری واقع در روستای فیلستان (جنوب پاکدشت) با فواصل ۸۰ × ۱۷۰ سانتی‌متر کشت شد. به این ترتیب دو جمعیت بزرگ NGF₂ (۱۰۰۰ بوته) و SGF₂ (۱۵۰۰ بوته) ایجاد شد. عملیات به زراعی در مزرعه شامل خاک دادن پای بوته‌ها، وجین علف‌های هرز، آبیاری مرتب مزرعه هر ۵ روز یکبار به صورت قطره‌ای با روش تیپ، کوددهی ماکرو (۲۰-۲۰-۲۰) و همچنین هیومیک اسید به بوته‌ها به صورت کود آبیاری انجام شد. ارقام والدی ساوه، نیاگارا و گالیا از هر کدام ۱۵ بوته در کنار جمعیت مورد مطالعه جهت برآورد واریانس محیطی کشت شدند. تمامی بوته‌های نسل F₂ با احتساب سه گل روی هر بوته (حداقل ۷۵۰۰ گل در دو جمعیت) خودگشن شدند (Rajitha Nair & Kumar, 2021). روش اصلاحی به صورت شجره‌ای بود و گزینش در نسل F₂ آغاز شد (Pitrat, 2008).

ارزیابی و گزینش بوته‌های خودگشن شده در مزرعه برای صفات مورفولوژیک، فنولوژیک و نیز مقاومت نسبی به بیماری، ویروس و کنه بر اساس مقیاس رتبه‌ای انجام شد سپس بوته‌ها در ۴ گروه قرار داده شدند به طوری که بوته‌های با ساقه و طوقه بدون آلودگی در کلاس ۱، بوته‌های با ۲۵ درصد آلودگی در کلاس ۲، بوته‌های با ۲۵ تا ۵۰ درصد آلودگی در کلاس ۳، و بوته‌های با آلودگی بیش از ۵۰ درصد روی ساقه و طوقه در کلاس ۴ قرار گرفتند. بوته‌های با برگ و بدون علائم ویروسی و کنه در کلاس ۱، بوته‌های دارای علائم خفیف ویروسی و کنه در کلاس ۲، بوته‌های با علائم متوسط ویروسی و کنه در کلاس ۳، و بوته‌های با علائم شدید ویروسی و کنه روی برگ در کلاس ۴ قرار گرفتند (Roy, 1997). تشخیص بوته‌های آلوده با استفاده از روش رتبه‌دهی انجام شد. بوته‌های مبتلا به عوامل بوته‌میری عمدتاً به طور سریع پژمرده شده و از بین رفتند، بوته‌های آلوده به کنه معمولاً گرد آلود شده و بخش هوایی آنها پوشیده از تارهایی شبیه به تار عنکبوت شد، و بوته‌های آلوده به ویروس (طیفی از ویروس‌ها) معمولاً ظاهر زرد رنگ، ابلق یا حالت موزاییک مانند پیدا می‌کردند (Kurosky *et al.*, 2017; Damicone *et al.*, 2020).

بوته‌های مبتلا به انواع بیماری، ویروس یا کنه که به ترتیب دارای نمره رتبه‌ای بالاتر از ۲ بودند به عنوان بوته‌های با مقاومت پایین یا حساس از جمعیت حذف شدند. از نظر شکل ظاهری بوته‌ها بر اساس مقیاس اسمی در سه کلاس قرار داده شدند. بوته‌ها با ظاهری شبیه به والد گالیا در کلاس ۱ و به عنوان بوته رونده، بوته‌های شبیه به والد ایرانی در کلاس ۳ و به عنوان بوته‌های گرد کپه‌ای و بوته‌های با فرم بینابین در کلاس ۲ رده بندی شدند. از نظر عادت رشد رویشی و گسترش، بوته‌ها براساس مقیاس رتبه ای در ۵ کلاس قرار گرفتند به طوری که کوچکترین بوته‌ها در کلاس ۱ و بزرگترین بوته‌ها در کلاس ۵ قرار گرفتند. فقط بوته‌های دارای عادت رشد رویشی با نمره رتبه‌ای بین ۲ تا ۴ به شرط داشتن دیگر ویژگی‌های مناسب گزینش شدند (Choudhary *et al.*, 2015; Adib *et al.*, 2022). بدین جهت، گزینش بوته‌ها با ارزیابی‌های مزرعه‌ای شروع و با ثبت مشخصات کمی و کیفی میوه‌های خودگشن شده در آزمایشگاه و انتخاب براساس صفات کیفی ادامه پیدا کرد. صفات کیفی میوه عمدتاً بر اساس مقیاس‌های رتبه ای اندازه‌گیری شد. میوه‌ها از نظر سفتی گوشت و پوست در سه گروه (نرم ۱، متوسط ۲ و سفت ۳)، از نظر آبدار بودن میوه در دو گروه (آبدار ۱ و کم آب ۲)، از نظر رنگ پوست در ۵ گروه (سبز، کرمی، زرد، نارنجی و سفید)، از نظر رنگ گوشت میوه در ۴ گروه (سفید، سبز کم رنگ، سبز و نارنجی)، از نظر میزان شبکه روی پوست در ۴ گروه (میوه‌های صاف و بدون شبکه، میوه‌های با میزان کمی شبکه روی پوست، میوه‌های با شبکه بندی نسبتاً توسعه یافته ولی ناقص و میوه‌های کاملاً مشبک) قرار داده شدند. همچنین میوه‌ها از نظر خطوط و رگه‌های روی پوست در سه گروه شامل

میوه‌های بدون خط ۱، میوه‌های با خطوط کم‌رنگ ۲ و میوه‌های با خطوط کاملاً مشخص ۳، و نیز، از نظر شیارهای روی پوست در دو گروه شامل بدون شیار ۱ و شیار دار ۲ قرار داده شدند (Choudhary *et al.*, 2015; Adib *et al.*, 2022). بر این اساس میوه‌های مشبک (با نمره ۴) دارای خطوط ورگه (با نمره ۳)، دارای شیارهای روی پوست (با نمره ۲)، دارای پوست ضخیم و سفت (با نمره ۳)، دارای گوشت میوه نرم و آبدار (با نمره ۱) گزینش شد.

در پایان تجزیه‌های چند متغیره صفات کمی در دو مرحله مورد بررسی قرار گرفتند. مرحله اول به‌منظور گزینش گروهی و گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA) و ترسیم نمودار دوبعدی دو مولفه اصلی اول انجام گرفت. مرحله دوم، جهت تأیید نتایج PCA و تعیین صفات مهم و موثر بر وزن میوه به عنوان یکی از اجزاء اصلی عملکرد با استفاده از رگرسیون گام به گام و تأثیر این صفات با استفاده از تجزیه مسیر به منظور گزینش نهایی صورت گرفت. همچنین وراثت‌پذیری و تنوع، نسبت‌ها و میزان پیشرفت این صفات به ویژه صفاتی که به مدل رگرسیون وارد شدند محاسبه گردید. صفات کمی میوه که عمدتاً بر اساس مقیاس نسبی اندازه‌گیری شدند عبارت بودند از طول میوه (سانتی‌متر)، عرض میوه (سانتی‌متر)، نسبت طول به قطر میوه، ضخامت گوشت (سانتی‌متر)، قطر حفره عرضی (سانتی‌متر)، وزن میوه (سانتی‌متر)، تعداد روز تا برداشت میوه (مقیاس فاصله‌ای و برحسب روز)، و مواد جامد محلول بر حسب درجه بریکس با استفاده از رفراکتومتر دستی (فام نگار) (Jariani *et al.*, 2022).

تجزیه‌های آماری

تجزیه‌های آماری شامل همبستگی‌های ساده فنوتیپی، تجزیه رگرسیون گام به گام جهت تشخیص صفات مهم تأثیر گذار بر وزن تک میوه، تجزیه علیت به منظور تعیین اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات مهم وارد شده در مدل رگرسیونی به عنوان متغیر مستقل، صفت وزن تک میوه به عنوان متغیر وابسته و مهم در گزینش ژنوتیپ‌های دو جمعیت در حال تفرق، تجزیه به مولفه‌های اصلی برای تعیین روابط درونی بین صفات، تعیین نقش هر یک از صفات در تنوع موجود و گروه‌بندی صفات موثر بر وزن میوه و تجزیه بای پلات با استفاده از دو مولفه‌های اصلی، جهت گزینش نهایی و گروهی ژنوتیپ‌ها بود. تجزیه به مولفه‌های اصلی و رسم نمودار دو بعدی مولفه اول و دوم با نرم‌افزار R نسخه 4.0.3 انجام شد. ضرایب همبستگی فنوتیپی پیرسون براساس کوارینانس دو متغیر و انحراف معیار آنها مربوط به صفات کمی (اندازه‌گیری براساس مقیاس‌های فاصله‌ای و نسبی) انجام شد. این ضریب از طریق رابطه $R_{xy} = (\text{cov}_{(x,y)} / \sigma_x \sigma_y)$ محاسبه گردید. پارامترهای ژنتیکی مانند واریانس فنوتیپی، ژنوتیپی، محیطی، وراثت‌پذیری عمومی، ضرایب تنوع فنوتیپی، ژنتیکی، محیطی، و بازده ژنتیکی (شدت انتخاب یا پیشرفت ژنتیکی) با شدت انتخاب ۲، ۵ و ۱۰ از روابط زیر محاسبه شد (Roy, 2000; Pistorale & Adriana, 2008).

$$\sigma_e^2 = MS_e \quad \text{رابطه ۱}$$

$$\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma^2 e \quad \text{رابطه ۲}$$

$$(\sigma_g^2) = (MST - MSE) / r \quad \text{رابطه ۳}$$

$$CV_g = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}} \times 100 \quad \text{رابطه ۴}$$

$$CV_p = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\bar{X}} \times 100 \quad \text{رابطه ۵}$$

$$CV_e = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}} \times 100 \quad \text{رابطه ۶}$$

$$GA = Kh^2 \times S_p \quad \text{رابطه ۷}$$

$$h^2 b = \sigma_g^2 / \sigma_p^2 \quad \text{رابطه ۸}$$

که در روابط بالا، σ_g^2 واریانس ژنتیکی، σ_p^2 واریانس فنوتیپی، σ_e^2 واریانس محیطی، S_p انحراف معیار فنوتیپی، CV_g ، CV_p و CV_e به ترتیب، ضرایب تنوع ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی h^2b توارث پذیری عمومی، GA بازده ژنتیکی و K دیفرانسیل گزینش شده استاندارد می‌باشند. مقدار K برای ۲، ۵ و ۱۰ درصد گزینش به ترتیب ۲/۴۲، ۲/۰۶ و ۱/۷۶ می‌باشد (Mardanzadeh *et al.*, 2014; Hamza *et al.*, 2018).

واریانس خطا با کمک ارقام والدی به دست آمد. به این ترتیب که واریانس درون رقم ساوه، نیاگارا و گالیا محاسبه شد. با توجه به این که رقم ساوه و نیاگارا در این آزمایش لاین نسبتاً خالص هستند و رقم گالیا یک رقم هیبرید تجاری است، واریانس درون آنها کاملاً محیطی بوده، لذا تخمینی از واریانس خطا خواهد بود. واریانس نسل F_2 به عنوان واریانس فنوتیپی V_p در نظر گرفته شد. بنابراین، از تفاضل واریانس نسل F_2 و واریانس محیطی، واریانس ژنتیکی برای هر دو جمعیت به دست آمد. همه محاسبات با استفاده از نرم افزار SPSS و Excele نسخه ۱۹ (SPSS, 2010) و SAS نسخه ۹/۱ (SAS, 2011) انجام گرفت.

یافته‌های پژوهش

بر اساس آنچه در مبحث مواد و روش‌ها اشاره شد با توجه به تحقیقات گیاهپزشکی (Arabsalmani, 2007; Arab-Salmani *et al.*, 2013) در ابتدا گزینش و ارزیابی مزرعه‌ای بوته‌های خودگشن شده، جهت بررسی مقاومت آنها به بیماری، ویروس و کنه بر اساس مقیاس رتبه‌ای (Roy, 1997) انجام شد که در نتیجه آن بیش از ۵۲ درصد بوته‌ها در مزرعه حذف شدند. استفاده از مقیاس رتبه‌ای جهت تعیین شدت بیماری روی طالبی-خریزه در گلخانه توسط (Abawi & Pastor, 1990) نیز گزارش شده است. در آزمایشگاه گزینش ژنوتیپ‌ها براساس صفات کیفی میوه بوژه خطوط و رگه‌ها، میزان شبکه پوست و رنگ گوشت انجام شد که در این مرحله بیش از ۵۵ درصد از ژنوتیپ‌های باقی مانده گزینش شدند. گزینش نهایی ژنوتیپ‌ها براساس آنالیز چند متغیره صفات کمی در دو مرحله، و به شرح ذیل صورت پذیرفت.

نتایج تجزیه همبستگی فنوتیپی صفات کمی و کیفی در جمعیت F_2 تلاقی نیاگارا × گالیا (NGF₂)

اطلاع از همبستگی صفات به عنوان بخشی از اولویت‌های ارتقاء سطح کمی تولیدات باغبانی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. نتایج حاصل از تجزیه همبستگی فنوتیپی صفات کمی (جدول ۱) نشان می‌دهد همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح ۱ درصد بین وزن میوه به عنوان یکی از اجزاء عملکرد با سایر اجزاء مانند قطر (**۰/۹۰۸) و طول میوه (**۰/۸۷۸)، اندازه حفره بذری (**۰/۷۰۶)، ضخامت گوشت (**۰/۶۷۱)، و روز تا برداشت میوه (**۰/۲۸۰) وجود داشت. بیشترین همبستگی را دو صفت وزن میوه و قطر میوه (**۰/۹۰۸) داشتند. نتایج همبستگی اسپیرمن در ارتباط با صفات کیفی (جدول ۲) نشان داد مقاومت نسبی بوته‌ها به ویروس‌ها با مقاومت نسبی آنها به بیماری‌ها دارای همبستگی مثبت معنی‌داری در سطح ۱ درصد بود. خطوط و رگه‌های پوست با شبکه‌های پوست دارای همبستگی منفی معنی‌داری در سطح ۱ درصد بود. مقاومت نسبی بوته‌ها به ویروس‌ها دارای همبستگی منفی معنی‌داری در سطح ۵ درصد با میزان سفتی پوست بود.

نتایج تجزیه همبستگی فنوتیپی صفات کمی و کیفی در جمعیت F_2 تلاقی ساوه × گالیا (SGF₂)

ضرایب همبستگی جمعیت SGF_2 بر اساس ضریب پیرسون محاسبه گردید که در جدول ۳ ارائه شده است. محاسبه ضرایب همبستگی بین صفات کمی در جمعیت در حال تفرق SGF_2 نشان داد وزن میوه با همه صفات کمی مورد سنجش بجز میزان قند میوه ارتباط مثبت و معنی‌داری در سطح ۱ درصد نشان داد؛ بالاترین همبستگی بین وزن میوه با دو صفت طول (**۰/۸۴۵) و قطر (**۰/۸۲۵) میوه مشاهده شد. در ارتباط با صفات کیفی میوه نیز نتایج همبستگی اسپیرمن بررسی قرار گرفت (جدول ۴).

تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA)

نتایج تجزیه به مولفه‌ها برای جمعیت NGF₂ (شکل ۱)، نشان داد که دو مولفه مجموعاً ۷۱/۸۸ درصد از تغییرات را توجیه نمودند. مولفه اول با مقدار ویژه ماتریس همبستگی برابر ۳/۸۷ حدود ۵۶/۲ درصد از واریانس صفات را به خود اختصاص داد. مؤلفه دوم با مقدار ویژه ۱/۰۶، ۱۵/۶۸ درصد از واریانس داده‌ها را پس از مولفه اول شامل شد. براساس نتایج به دست آمده در ارتباط با جمعیت SGF₂، دو مولفه اصلی (شکل ۲) در مجموع ۷۱/۳۱ درصد از تغییرات کل داده‌ها را توجیه نمودند. عامل اول با توجیه ۵۵/۱ درصد از واریانس مربوط به صفات و مقدار ویژه‌ای معادل ۳/۸۵ شامل ضرایب عاملی مثبت و منفی‌دار برای صفات مهم وزن و اجزاء آن بود. در این مولفه وزن میوه بیشترین تأثیر مثبت را در مدل پیشنهادی داشت. مولفه دوم تبیین کننده ۱۵/۷۰ درصد از تغییرات مثبت بود.

جدول ۱. همبستگی پیرسون بین صفات کمی طالبی در تلاقی نیاگارا × گالیا در جمعیت F₂

نوع صفت	طول میوه	قطر میوه	قطر حفره بذری	ضخامت گوشت میوه	کل مواد جامد محلول	تعداد روز تا برداشت محصول
X1	۱/۰۰۰					
X2	۰/۸۰۷**	۱/۰۰۰				
X3	۰/۶۰۳**	۰/۶۹۳**	۱/۰۰۰			
X4	۰/۶۱۳**	۰/۶۶**	۰/۲۳۹*	۱/۰۰۰		
X5	۰/۰۸۲	۰/۱۳۲	۰/۰۸۲	۰/۰۵۸	۱/۰۰۰	
X6	۰/۲۰۹*	۰/۲۵۲**	۰/۲۵۸**	۰/۱۲۲	۰/۱۳۷	۱/۰۰۰
W	۰/۸۷۸**	۰/۹۰۸**	۰/۷۰۶**	۰/۶۷۱**	۰/۱۴۲	۰/۲۸۰**

ns، * و ** به ترتیب نبود اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.
X₁ (طول میوه)، X₂ (قطر میوه)، X₃ (قطر حفره بذری)، X₄ (ضخامت گوشت میوه)، X₅ (کل مواد جامد محلول)، X₆ (تعداد روز تا برداشت محصول)، W (وزن میوه). (منبع: یافته‌های تحقیق).

جدول ۲. همبستگی اسپیرمن بین صفات کیفی طالبی در تلاقی ساوه در گالیا در جمعیت F₂

نوع صفت	عادت رشد بوته	شکل بوته	بیماری	ویروس	کنه	شبکه‌بندی روی پوست	خطوط روی پوست میوه	شیارهای روی پوست	سفتی پوست میوه	ضخامت پوست میوه	سفتی گوشت میوه
X1	۱/۰۰۰										
X2	۰/۰۲۰	۱/۰۰۰									
X3	-۰/۱۰۶	۰/۰۶۰	۱/۰۰۰								
X4	-۰/۰۳۳	-۰/۰۲۱	۰/۲۵۵**	۱/۰۰۰							
X5	-۰/۰۹۹	-۰/۰۴۵	۰/۱۰۶	۰/۱۵۴	۱/۰۰۰						
X6	-۰/۰۰۵	۰/۲۰۸*	-۰/۰۰۴	-۰/۱۴۰	-۰/۱۱۶	۱/۰۰۰					
X7	۰/۲۸۰**	۰/۰۳۷	-۰/۰۱۳	-۰/۰۳۰	-۰/۰۲۷	-۰/۴۵۴**	۱/۰۰۰				
X8	۰/۲۴۸**	۰/۱۱۰	-۰/۱۰۷	-۰/۰۷۷	-۰/۰۶۵	-۰/۰۶۹	۰/۱۹۷*	۱/۰۰۰			
X9	۰/۰۸۴	۰/۱۳۱	-۰/۱۰۵	-۰/۱۹۱*	۰/۱۲۹	۰/۳۱۰**	-۰/۱۴۳	-۰/۰۴۹	۱/۰۰۰		
X10	-۰/۰۳۳	-۰/۰۳۱	-۰/۰۳۵	-۰/۰۰۴	۰/۱۷۹	-۰/۳۹۲**	۰/۳۹۴**	-۰/۰۷۰	۰/۰۹۸	۱/۰۰۰	
X11	۰/۰۶۴	۰/۱۴۴	-۰/۰۱۱	-۰/۰۶۸	۰/۰۱۱	۰/۰۲۵	-۰/۱۴۷	۰/۰۱۹	۰/۱۴۰	-۰/۱۲۶	۱/۰۰۰

ns، * و ** به ترتیب نبود اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.
X₁ (عادت رشد بوته)، X₂ (شکل بوته)، X₃ (بیماری)، X₄ (ویروس)، X₅ (کنه)، X₆ (شبکه روی پوست میوه)، X₇ (خطوط روی پوست میوه)، X₈ (شیارهای روی پوست)، X₉ (سفتی پوست میوه)، X₁₀ (ضخامت پوست میوه)، X₁₁ (سفتی گوشت میوه). (منبع: یافته‌های تحقیق).

جدول ۳. همبستگی پیرسون بین صفات کمی طالبی در تلاقی ساوه گالیا در جمعیت F₂

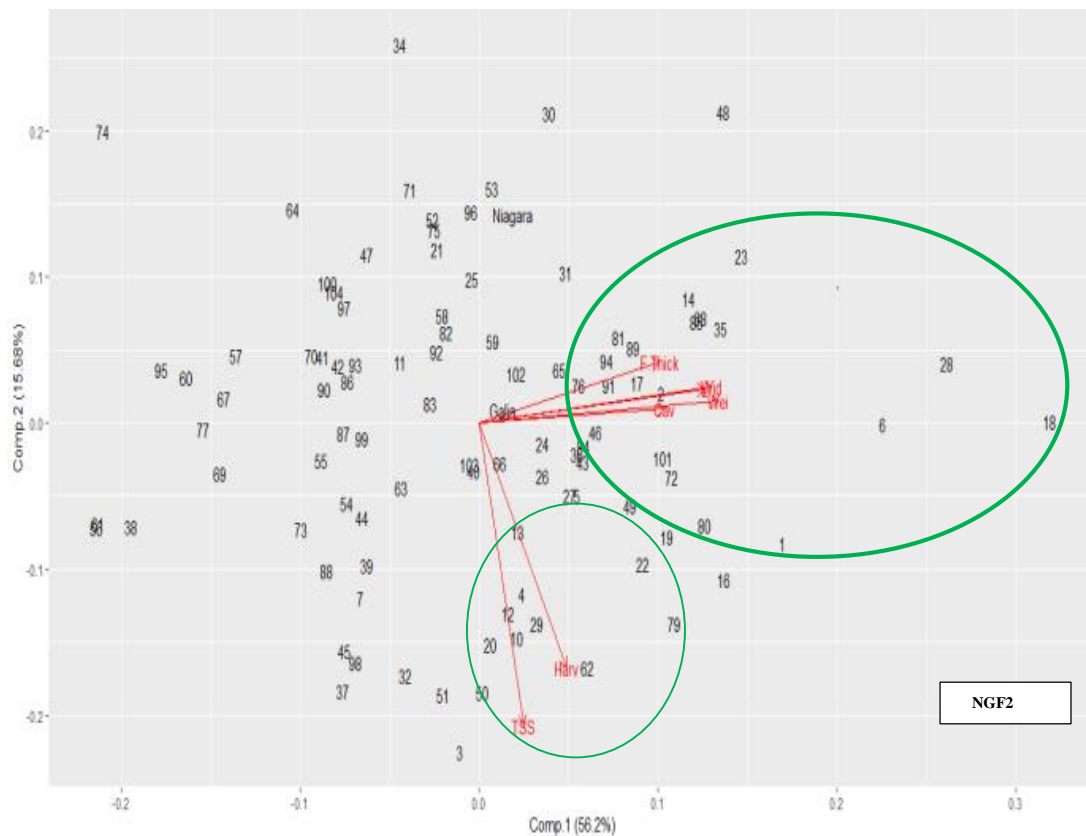
نوع صفت	طول میوه	قطر میوه	قطر حفره بذری	ضخامت گوشت میوه	کل مواد جامد محلول	تعداد روز تا برداشت محصول
X1	۱/۰۰۰					
X2	۰/۷۶۶**	۱/۰۰۰				
X3	۰/۵۱۶**	۰/۶۵۶**	۱/۰۰۰			
X4	۰/۷۱۲**	۰/۶۸۷**	۰/۲۸۱**	۱/۰۰۰		
X5	۰/۰۷۸	۰/۰۵۲	۰/۰۳۰	۰/۱۸۷**	۱/۰۰۰	
X6	۰/۴۰۶**	۰/۲۴۹**	۰/۲۲۶**	۰/۲۴۹**	۰/۱۲۸	۱/۰۰۰
W	۰/۸۴۵**	۰/۸۲۵**	۰/۶۰۱**	۰/۷۰۲**	۰/۰۵۵	۰/۳۰۹**

NS * و ** به ترتیب نبود اختلاف معنی دار و اختلاف معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد. (منبع: یافته های تحقیق)
 X₁ (طول میوه)، X₂ (قطر میوه)، X₃ (قطر حفره عرضی)، X₄ (ضخامت گوشت میوه)، X₅ (کل مواد جامد محلول)، X₆ (تعداد روز تا برداشت محصول)، W (وزن میوه).

جدول ۴. همبستگی اسپیرمن بین صفات کیفی طالبی در تلاقی ساوه در گالیا در جمعیت F₂

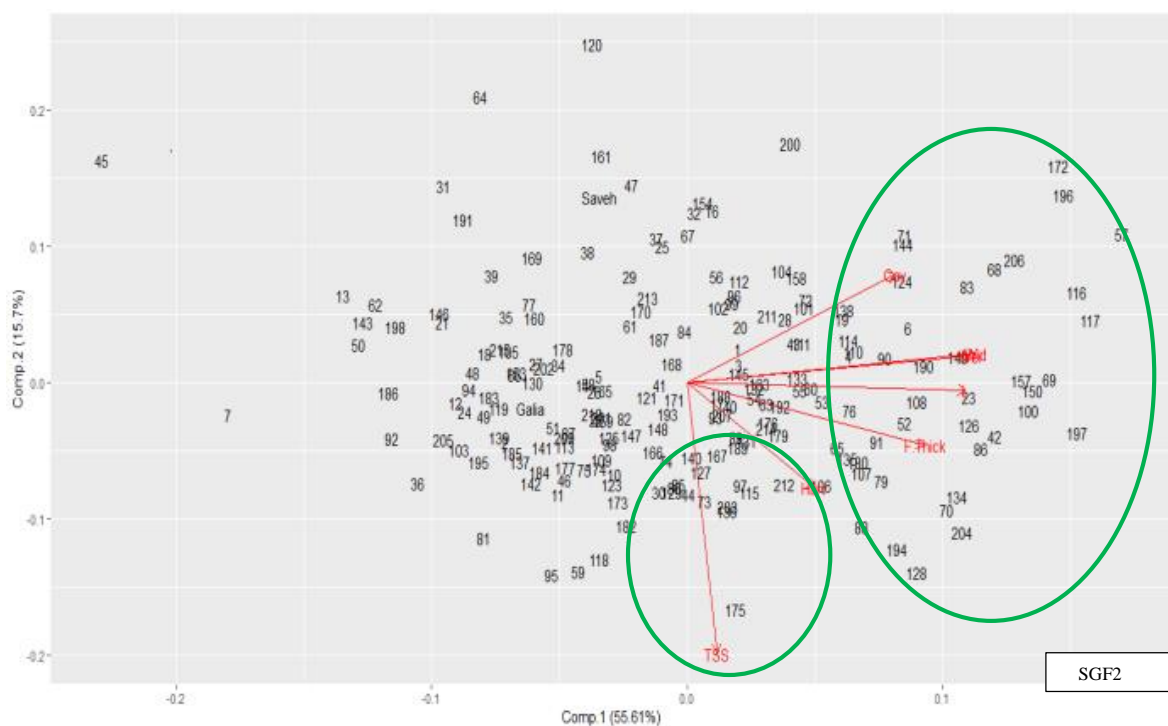
نوع صفت	عادت رشد بوته	شکل بوته	ویروس بیماری	کنه	شبکه بندی روی پوست	خطوط روی پوست میوه	شیارهای روی پوست	سفتی پوست میوه	ضخامت پوست میوه	سفتی گوشت میوه
X1	۱/۰۰۰									
X2	۰/۲۶۳**	۱/۰۰۰								
X3	۰/۰۶۶	-۰/۰۱۳	۱/۰۰۰							
X4	۰/۰۷۰	۰/۱۷۱*	۰/۴۰۹**	۱/۰۰۰						
X5	-۰/۰۵۱	-۰/۰۳۲	۰/۱۶۷*	۰/۱۶۶*	۱/۰۰۰					
X6	۰/۱۸۶**	۰/۰۸۲	-۰/۱۱۹	-۰/۰۹۷	-۰/۱۳۵*	۱/۰۰۰				
X7	۰/۱۵۱*	-۰/۰۳۶	۰/۱۸۷**	۰/۱۵۱*	-۰/۰۳۹	۰/۳۳۳**	۱/۰۰۰			
X8	۰/۰۸۵	۰/۰۳۴	۰/۰۲۹	۰/۰۷۰	-۰/۰۳۹	-۰/۰۰۳	۰/۳۷۰**	۱/۰۰۰		
X8	۰/۱۴۶*	۰/۱۴۳*	-۰/۱۸۸**	-۰/۰۸۸	-۰/۱۵۴*	۰/۲۹۲**	-۰/۱۳۱	۰/۰۹۲	۱/۰۰۰	
X10	۰/۱۳۹*	۰/۰۳۳	۰/۱۱۳	-۰/۰۴۱	۰/۰۱۴	۰/۰۷۵	۰/۰۶۹	۰/۰۲۵	۰/۰۴۳	۱/۰۰۰
X11	-۰/۰۴۸	۰/۰۶۶	-۰/۰۵۹	-۰/۱۷۳**	۰/۰۰۱	۰/۰۷۱	-۰/۲۰۹**	-۰/۲۱۲**	۰/۱۹۰**	۰/۰۱۲

NS * و ** به ترتیب نبود اختلاف معنی دار و اختلاف معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد. (منبع: یافته های تحقیق)
 X₁ (عادت رشد بوته)، X₂ (شکل بوته)، X₃ (بیماری)، X₄ (ویروس)، X₅ (کنه)، X₆ (شبکه روی پوست میوه)، X₇ (خطوط روی پوست میوه)، X₈ (شیارهای روی پوست)، X₉ (سفتی پوست میوه)، X₁₀ (ضخامت پوست میوه)، X₁₁ (سفتی گوشت میوه). (منبع: یافته های تحقیق).



شکل ۱. نمودار دوبعدی (بای پلات) تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای صفات اندازه‌گیری شده در جمعیت‌های NGF₂. بیضی و دایره سبز رنگ محدوده برخی از بهترین ژنوتیپ‌ها را در سطح پلان نشان می‌دهند (منبع: داده‌های تحقیق).

پراکنش ژنوتیپ‌ها در سطح پلان حاصل از دو مؤلفه در جمعیت‌های NGF₂ (شکل ۱)، نشان داد، ژنوتیپ‌های محدود به بیضی سبز رنگ برترین ژنوتیپ‌ها از نظر وزن میوه و اجزاء آن هستند این صفات بیشترین تاثیر مثبت را روی مؤلفه اصلی اول داشتند؛ همچنین، این ژنوتیپ‌ها دارای میزان قند و تعداد روز تا برداشت میوه نسبتاً کمتری هستند. ژنوتیپ‌های محدود به دایره سبزرنگ برترین ژنوتیپ‌ها از نظر میزان TSS و تعداد روز تا برداشت میوه نیز می‌باشند که دارای تاثیر مثبت و معنی‌دار روی مؤلفه اصلی دوم بودند؛ در حالی که وزن میوه و اجزاء آن در این ژنوتیپ‌ها چندان بالا نیست. از طرف دیگر، با توجه به نتایج در جمعیت‌های SGF₂ (شکل ۲)، ژنوتیپ‌های محدود به بیضی سبزرنگ برترین ژنوتیپ‌ها از نظر میزان وزن میوه و اجزاء آن و همچنین تعداد روز تا برداشت میوه می‌باشند که بیشترین تاثیر مثبت را بر مؤلفه اصلی اول و کمترین تاثیر را بر مؤلفه دوم داشتند، بدین جهت در هر دو جمعیت NGF₂ و SGF₂ گزینش‌ها بر اساس نمودار دوبعدی برای طیفی از ژنوتیپ‌های دارای قند بالا و وزن متوسط تا زیاد صورت گرفت. این ژنوتیپ‌های گزینش شده برای کاشت در نسل سوم و تدام نسل‌ها تا رسیدن به لاین‌های خالص به کار خواهند رفت.



شکل ۲. نمودار دویعدی (بای پلات) تجزیه به مولفه‌های اصلی برای صفات اندازه‌گیری شده در جمعیت‌های SGF₂. بیضی و دایره سبز رنگ محدوده برخی از بهترین ژنوتیپ‌ها را در سطح پلان نشان می‌دهند (منبع: داده‌های تحقیق).

رگرسیون گام به گام

بر اساس نتایج تجزیه رگرسیون در ارتباط با جمعیت NGF₂ صفت عرض میوه به تنهایی ۸۲/۱۹ درصد از تغییرات وزن را توجیه نمود (جدول ۵)، که می‌توان آن را به رابطه مستقیم در صفت نسبت داد. همچنین، ضریب تبیین مدل برازش شده نشان داد که ۹۰/۰۳ درصد از تغییرات وزن میوه توسط متغیرهای مستقل موجود در مدل توجیه شد. نتایج در ارتباط با جمعیت اصلاحی SGF₂ نشان داد طول میوه ۷۱/۴۰ درصد از تغییرات مربوط به وزن میوه را توجیه کرد (جدول ۶). و به عنوان مؤثرترین صفت وارد مدل پیشنهادی شد. در این مدل طول میوه دارای بالاترین ارتباط و همبستگی (۰/۸۴۵) با وزن میوه بود.

جدول ۵. نتایج و ضرایب رگرسیونی برای صفت وزن میوه به عنوان متغیر وابسته در مدل رگرسیونی گام به گام در جمعیت NGF₂

مرحله	صفات وارد شده به مدل رگرسیون گام به گام	مربع رگرسیون	مربع رگرسیون جزء	میانگین مربعات	مقدار ثابت مدل	پارامتر تخمین	همبستگی	همبستگی رگرسیون جزء	سطح معنی داری
۱	X2	۰/۸۲۱۹	۰/۸۲۱۹	۱۲۹۳۷۹۲۱/۰۰۰۰	-۱۵۱۰/۸۸۳۶	۸۹/۸۵۲۰	۰/۹۰۶۶	۰/۹۰۶۶	**
۲	X1	۰/۸۸۴۹	۰/۰۶۳۹	۶۹۶۴۹۵۸/۰۰۰۰	-۱۶۶۳/۵۲۵۵	۸۰/۴۰۸۰	۰/۹۴۰۷	-۰/۲۵۱۰	**
۳	X3	۰/۸۹۱۱	۰/۰۰۶۱	۴۶۷۵۴۶۷/۰۰۰۰	-۱۶۷۰/۱۴۴۸	۶۳/۵۸۴۱	۰/۹۴۴۰	-۰/۰۷۸۱	*
۴	X4	۰/۹۰۰۳	۰/۰۰۹۳	۳۵۴۳۰۳۵/۰۰۰۰	-۱۷۰۷/۰۰۵۹	۹۱/۶۱۳۱	۰/۹۴۸۸	-۰/۰۹۶۴	**

NS، * و **: به ترتیب نبود اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد. (منبع: یافته‌های تحقیق)
 X₁ (طول میوه)، X₂ (قطر میوه)، X₃ (قطر حفره بذری)، X₄ (ضخامت گوشت میوه)،
 مدل پیشنهادی رگرسیون گام به گام = Y = ۱۷۰۷/۰۱ + X₂ ۸۹/۸۵ + X₁ ۸۰/۴۱ + X₃ ۶۳/۵۸ + X₄ ۹۱/۶۱

جدول ۶. نتایج و ضرایب رگرسیونی برای صفت وزن میوه به عنوان متغیر وابسته در مدل رگرسیونی گام به گام در جمعیت SGF₂

مرحله	صفت وارد شده به مدل	رگرسیون مربع	رگرسیون مربع	میانگین مربعات	مقدار ثابت مدل	پارامتر تخمین	همبستگی	همبستگی رگرسیون	معنی داری سطح
۱	X1	۰/۷۱۴۰	۰/۷۱۴۰	۵۴۴۰۳۳۱۰/۰۰۰۰	-۱۶۹۲/۴۶۳۲	۱۱۸/۵۲۴۶	۰/۸۴۵۰	۰/۸۴۵۰	**
۲	X2	۰/۷۸۵۶	۰/۰۷۱۶	۲۹۹۳۰۸۴۴/۰۰۰۰	-۲۱۷۳/۶۰۶۰	۷۹/۲۶۵۷	۰/۸۸۶۳	۰/۲۶۷۶	**
۳	X3	۰/۷۹۱۱	۰/۰۰۵۵	۲۰۰۹۴۳۳۶/۰۰۰۰	-۲۲۲۲/۹۳۹۳	۷۱/۵۴۸۵	۰/۸۸۹۴	۰/۰۷۴۲	*
۴	X4	۰/۸۰۰۴	۰/۰۰۹۲	۱۵۲۴۶۸۰۸/۰۰۰۰	-۲۲۳۲/۶۲۳۵	۱۱۶/۷۶۴۴	۰/۸۹۴۷	۰/۰۹۵۹	**

ns، * و **: به ترتیب نبود اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد. (منبع: یافته‌های تحقیق)

X₁ (طول میوه)، X₂ (قطر میوه)، X₃ (قطر حفره بذری)، X₄ (ضخامت گوشت).

مدل پیشنهادی رگرسیون گام به گام به $Y = -۲۲۳۲/۶۲ - X_1 ۱۱۸/۵۳ + X_2 ۷۹/۲۷ + X_3 ۲۰۰۹۴۳۳۶/۰۰۰۰ + X_4 ۱۱۶/۷۶$

تجزیه علیت (تجزیه مسیر) وزن میوه یا رگرسیون استاندارد شده

در ارتباط با جمعیت NGF₂ نتایج نشان داد قند میوه و تاریخ برداشت دارای کمترین ضرایب رگرسیون جزء استاندارد و تأثیر مستقیم بر وزن میوه بودند (جدول ۷). عرض میوه دارای بیشترین ضرایب رگرسیون ویژه استاندارد و اثر غیرمستقیم بر وزن میوه بود. همه صفات بویژه صفات وارد شده به مدل دارای آثار غیرمستقیم مثبت بر وزن تک میوه هستند. در ارتباط با جمعیت SGF₂، نتایج تجزیه مسیر نشان داد که طول (**۰/۴۵۱) و عرض میوه (**۰/۲۷۰)، ضخامت گوشت (**۰/۱۶۳)، قطر حفره عرضی (**۰/۱۴۹) به ترتیب دارای بیشترین اثر مستقیم مثبت و معنی‌دار بر وزن میوه بودند (جدول ۸). صفات وارد نشده به مدل رگرسیونی گام به گام مانند مواد جامد محلول (۰/۰۲۵-) و روز تا برداشت میوه (۰/۰۱۶) دارای اثرات مستقیم منفی و غیرمعنی‌دار و کاهش بر وزن میوه بودند.

جدول ۷. آثار مستقیم (اعداد روی قطر) و غیرمستقیم برخی صفات (متغیرهای مستقل) بر وزن میوه در بوته در جمعیت NGF₂

NGF2	X1	X2	X3	X4	X5	X6	Y
X1	۰/۳۶۴**	۰/۳۰۹	۰/۱۰۵	۰/۰۸۹	۰/۰۰۳	۰/۰۰۹	۰/۸۷۸**
X2	۰/۲۹۳	۰/۳۸۳**	۰/۱۲۰	۰/۰۹۷	۰/۰۰۴	۰/۰۱۰	۰/۹۰۸**
X3	۰/۲۱۹	۰/۲۶۵	۰/۱۷۴**	۰/۰۳۵	۰/۰۰۳	۰/۰۱۱	۰/۷۰۶**
X4	۰/۲۲۳	۰/۲۵۳	۰/۰۴۱	۰/۱۴۶**	۰/۰۰۲	۰/۰۰۵	۰/۶۷۳**
X5	۰/۰۳۰	۰/۰۵۱	۰/۰۱۴	۰/۰۰۸	۰/۰۳۳**	۰/۰۰۶	۰/۱۴۲**
X6	۰/۰۷۶	۰/۰۹۶	۰/۰۴۵	۰/۰۱۸	۰/۰۰۵	۰/۰۴۱**	۰/۲۸۱**

ns، * و **: به ترتیب نبود اختلاف معنی‌دار و اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد. (منبع: یافته‌های تحقیق)

X₁ (طول میوه)، X₂ (قطر میوه)، X₃ (قطر حفره بذری)، X₄ (ضخامت گوشت میوه)، X₅ (کل مواد جامد محلول)، X₆ (تعداد روز تا برداشت محصول)، Y (وزن میوه).

معادله رگرسیون با ضرایب استاندارد $Y = ۰/۳۶۳۶ + X_1 ۰/۳۸۲۹ + X_2 ۰/۱۷۳۶ + X_3 ۰/۱۴۵۸ + X_4 ۰/۰۳۳۳ + X_5 ۰/۰۴۱۰ + X_6 ۰/۰۷۶$

اثر باقی‌مانده $R = ۰/۳۰۹$

جدول ۸. تجزیه ضرایب همبستگی صفات به اثرات مستقیم و غیرمستقیم برای وزن میوه (تجزیه علیت) در بوته در جمعیت SGF₂

SGF2	X1	X2	X3	X4	X5	X6	Y
X1	۰/۴۵۱**	۰/۲۱۰	۰/۰۷۷	۰/۱۱۵	-۰/۰۰۲	-۰/۰۰۷	۰/۸۴۵**
X2	۰/۳۵۰	۰/۲۷۰**	۰/۰۹۸	۰/۱۱۱	-۰/۰۰۱	-۰/۰۰۴	۰/۸۲۵**
X3	۰/۲۳۳	۰/۱۷۷	۰/۱۴۹	۰/۰۴۵	-۰/۰۰۱	-۰/۰۰۴	۰/۶۰۱**
X4	۰/۳۲۱	۰/۱۸۶	۰/۰۴۲	۰/۱۶۲**	-۰/۰۰۴	-۰/۰۰۴	۰/۷۰۲**
X5	۰/۰۳۵	۰/۰۱۴	۰/۰۰۴	۰/۰۲۹	-۰/۰۲۵**	-۰/۰۰۲	۰/۰۵۵
X6	۰/۱۸۳	۰/۰۶۷	۰/۰۳۴	۰/۰۴۴	-۰/۰۰۳	-۰/۰۱۶**	۰/۳۰۹**

NS، * و ** به ترتیب نبود اختلاف معنی دار و اختلاف معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد. (منبع: یافته های تحقیق)

X₁ (طول میوه)، X₂ (قطر میوه)، X₃ (قطر حفره بذری)، X₄ (ضخامت گوشت میوه)، X₅ (کل مواد جامد محلول)، X₆ (تعداد روز تا برداشت محصول)، Y (وزن میوه).

معادله رگرسیون با ضرایب استاندارد = Y = X₁ ۰/۱۵۴۵ + X₂ ۰/۲۷۰۳ + X₃ ۰/۱۴۹۳ + X₄ ۰/۱۶۱۸ - X₅ ۰/۰۲۵۲ - X₆ ۰/۰۱۶۱ - R = ۰/۴۴۶۳

ضرایب تغییرات ژنتیکی، فنوتیپی، محیطی، نسبت ضریب تنوع ژنتیکی به فنوتیپی، وراثت پذیری عمومی و بازده ژنتیکی (پیشرفت ژنتیکی یا مقدار شدت انتخاب)

نتایج نشان داد در جمعیت NGF₂، وراثت پذیری همه صفات در حد بالا و برای شاخص شکل میوه در حد متوسط بود؛ برای وزن میوه و تعداد روز تا برداشت میوه نیز مقادیر بالای وراثت پذیری، نسبت تنوع و بازده ژنتیکی (در سطح ۲ درصد گزینش) مشاهده شد در ارتباط با جمعیت SGF₂، نتایج نشان داد که عرض میوه، قطر حفره عرضی و وزن میوه دارای وراثت پذیری متوسط بود؛ در حالی که ضخامت گوشت، مواد جامد محلول و تاریخ برداشت میوه دارای بالاترین وراثت پذیری بودند. در هر دو جمعیت NGF₂ و SGF₂ اکثر صفات ارزیابی شده بجز عرض میوه و تاریخ رسیدگی دارای ضرایب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی بالا تا متوسط بودند. در مجموع ضرایب تنوع فنوتیپی بالاتر از ضرایب ژنتیکی بودند.

جدول ۹. مقادیر تنوع ژنتیکی، فنوتیپی، نسبت تنوع ژنتیکی به فنوتیپی، توارث پذیری عمومی و بازده ژنتیکی در صفات بررسی شده جمعیت نیاگارا در گالیا (NGF₂)

CV _p	CV _g	CV _e	h ²	GA (2%)	GA (5%)	GA (10%)	صفت
۳۴/۸۷۸	۳۴/۰۲۴	۷/۶۶۷	۰/۹۵۲	۹۱۸/۵۵۶	۷۸۱/۹۱۱	۶۶۸/۰۴۱	وزن میوه
۱۴/۴۲۹	۱۴/۳۳۵	۱/۶۴۵	۰/۹۸۷	۴/۲۷۸	۳/۶۴۱	۳/۱۱۱	طول میوه
۱۳/۴۲۱	۱۲/۷۵۴	۴/۱۸۰	۰/۹۰۳	۳/۷۹۰	۳/۲۲۶	۲/۷۵۶	قطر میوه
۱۸/۹۶۰	۱۷/۴۱۲	۷/۵۰۴	۰/۸۴۳	۲/۲۳۳	۱/۹۰۱	۱/۶۲۴	قطر حفره بذری
۱۶/۹۶۷	۱۳/۷۹۶	۹/۸۷۶	۰/۶۶۱	۰/۹۷۲	۰/۸۲۷	۰/۷۰۷	ضخامت گوشت میوه
۱۶/۲۰۳	۱۵/۷۶۸	۳/۷۲۸	۰/۹۴۷	۴/۰۶۷	۳/۴۶۲	۲/۹۵۸	کل مواد جامد محلول
۵/۳۰۸	۴/۹۸۶	۱/۸۱۹	۰/۸۸۲	۱۱/۵۱۶	۹/۸۰۳	۸/۳۷۵	تعداد روز تا برداشت محصول
۱۰/۷/۵۱۰	۷۸/۳۵۶	۷۳/۶۱۲	۰/۵۳۱	۰/۳۲۸	۱/۱۳۰	۰/۹۶۵	نسبت طول به قطر میوه (شاخص شکل میوه)

CV_g: ضریب تنوع ژنتیکی، CV_p: ضریب تنوع فنوتیپی، CV_e: ضریب تنوع محیطی، h²: وراثت پذیری عمومی، GA: بازده ژنتیکی (پیشرفت ژنتیکی یا مقدار

شدت انتخاب). (منبع: یافته های تحقیق)

جدول ۱۰. مقادیر تنوع ژنتیکی، فنوتیپی، نسبت تنوع ژنتیکی به محیطی، توارث‌پذیری عمومی و بازده ژنتیکی در صفات بررسی شده در جمعیت ساوه گالیا (SGF₂)

CV _p	CV _g	CV _e	h ²	GA (2%)	GA (5%)	GA (10%)	صفت
۳۷/۹۰۷	۲۹/۰۸۷	۲۴/۳۰۸	۰/۵۸۹	۸۵۴/۷۹۲	۷۲۷/۶۳۳	۶۲۱/۶۶۷	وزن میوه
۱۵/۴۲۰	۱۳/۰۳۵	۸/۲۳۷	۰/۷۱۵	۳/۸۷۶	۳/۲۹۹	۲/۸۱۹	طول میوه
۱۴/۰۶۳	۸/۹۵۷	۱۰/۸۴۲	۰/۴۰۹	۲/۰۰۷	۱/۷۰۸	۱/۴۵۹	قطر میوه
۱۸/۶۴۳	۱۲/۰۴۲	۱۴/۲۳۲	۰/۴۱۷	۱/۲۲۸	۱/۰۴۶	۰/۸۹۱	قطر حفره بذری ضخامت گوشت
۲۳/۵۷۸	۲۲/۶۴۵	۶/۵۶۷	۰/۹۲۲	۲/۱۳۳	۱/۸۱۶	۱/۵۵۱	میوه کل مواد جامد
۳۰/۶۷۴	۱۹/۸۲۶	۵/۸۶۲	۰/۹۲۰	۴/۹۶۵	۴/۲۲۶	۳/۶۱۱	محلول تعداد روز تا برداشت
۵/۶۲۸	۵/۶۱۰	۰/۴۵۱	۰/۹۹۴	۱۴/۹۸۹	۱۲/۷۵۹	۱۰/۹۰۱	محصول نسبت طول به قطر
۱۰۹/۶۴۸	۹۳/۸۷۸	۵۶/۶۵۳	۰/۷۳۳	۱/۹۴۵	۱/۶۵۶	۱/۴۱۵	میوه (شاخص شکل میوه)

CV_p: ضریب تنوع ژنتیکی، CV_g: ضریب تنوع فنوتیپی، CV_e: ضریب تنوع محیطی، h²: وراثت‌پذیری عمومی، GA: بازده ژنتیکی (پیشرفت ژنتیکی یا مقدار شدت انتخاب) (منبع: یافته‌های تحقیق)

بحث

در این پژوهش جهت درک روابط داخلی صفات و تعیین گروهی صفات کمی با بالاترین همبستگی، از تجزیه به عامل‌ها استفاده شد. که هدف اصلی از اتخاذ این روش کاهش حجم داده‌ها بوده است. با توجه به نتایج تجزیه به مولفه‌ها در جمعیت NGF₂ (شکل ۱)، در مولفه اول وزن میوه و در مولفه دوم قند میوه، بیشترین آثار مثبت را بر روی مدل پیشنهادی هر مولفه داشتند. با توجه به نتایج چرخش ماتریس مولفه‌ها مؤلفه اول به عنوان مولفه اندازه میوه و مولفه دوم تحت عنوان مولفه قند-زودرسی یا نامگذاری شد. براساس نتایج حاصل در ارتباط با جمعیت SGF₂ (شکل ۲)، در مولفه اول وزن میوه بیشترین تأثیر مثبت را در مدل پیشنهادی داشت؛ با توجه به چرخش ماتریس مولفه‌ها، این مولفه به عنوان عامل اندازه میوه، و مولفه دوم به عنوان عامل قند میوه نامگذاری شد.

با توجه به این‌که، صفاتی مانند وزن میوه، عملکرد، زودرسی، میزان مواد جامد محلول، شکل میوه‌ها و حتی مقاومت به بیماری‌ها، در ارتباط با معرفی ارقام جدید طالبی بسیار مهم بوده، و این‌که برخی از این صفات بیشتر تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرند، ناگزیر گزینش ژنوتیپ‌ها و لاین‌های مبتنی بر آنها بیشتر در ارتباط با صفات وابسته به آنها، و به صورت غیرمستقیم انجام می‌شود. از بدین جهت، اطلاع از ارتباط بین صفات برای اصلاح و انتخاب برترین ژنوتیپ‌ها و لاین‌ها الزامی است. ضمن این‌که، در هیچ یک از روش‌های آنالیز چندمتغیره، شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب از نظر مجموعه‌ای از صفات یا گزینش به صورت گروهی، امکان‌پذیر نیست در صورتی‌که در تجزیه بای‌پلات با استفاده از دو مولفه اصلی می‌توان اقدام به گزینش گروهی ژنوتیپ‌ها و یا لاین‌های نمود.

در ارتباط با گروه‌بندی ژنوتیپ‌های جمعیت NGF₂، با کمک نمودار دو بعدی در تجزیه به مولفه‌های اصلی، ژنوتیپ‌های محدود به بیضی سبز رنگ، برترین ژنوتیپ‌ها از نظر وزن و اجزاء آن بودند که این صفات نیز بیشترین تأثیر مثبت را روی مؤلفه اصلی اول داشتند (شکل ۱). در مقابل ژنوتیپ‌های محدود به دایره سبزرنگ، برترین ژنوتیپ‌ها از نظر میزان مواد جامد محلول

و روز تا برداشت بودند که تاثیر مثبت و معنی‌دارای روی مولفه اصلی دوم داشتند؛ هر چند که وزن میوه در این ژنوتیپ‌ها چندان بالا نبود. بر اساس یافته‌های این تحقیق، ژنوتیپ‌های SGF_2 محدود به بیضی سبزرنگ، برترین ژنوتیپ‌ها از نظر میزان وزن میوه و اجزاء آن و همچنین روز تا برداشت میوه می‌باشند که بیشترین تاثیر مثبت را بر مولفه اصلی اول و کمترین تاثیر را بر مولفه دوم داشتند. بنابراین، در هر دو جمعیت، گزینش‌ها بر اساس نمودار دویعدی برای طیفی از ژنوتیپ‌های دارای قند بالا و وزن متوسط تا زیاد صورت گرفته است که برای کاشت در نسل سوم، و تداوم نسل‌ها تا رسیدن به لاین‌های خالص ضروری می‌باشد.

با توجه به این‌که ماهیت روابط بین صفات از محیطی به محیط دیگر تغییر یافته و صرفاً ژنتیکی نیست، لذا، ممکن است در آزمایش‌های مختلف نتایج متفاوتی نیز گزارش شود. در پژوهش حاضر، گزینش برترین لاین‌ها عمدتاً با تاکید بر صفات مهم اقتصادی به‌ویژه وزن میوه صورت گرفته است. بنابراین، جهت تعیین صفات مهم تاثیر گذار بر وزن میوه، کاهش تعداد متغیرهای مستقل، و برآزش بهترین مدل رگرسیونی، و در نهایت تایید تجزیه به مولفه‌ها، از روش رگرسیون گام به گام استفاده شده است. بر اساس نتایج جدول ۵، عرض میوه به تنهایی $82/19$ درصد تغییرات وزن را توجیه کرده است و می‌توان آن را به رابطه مستقیم در صفت نسبت داد. ضریب تبیین مدل برآزش شده نشان داد که $90/03$ درصد از تغییرات وزن توسط متغیرهای مستقل وارد شده به مدل رگرسیون گام به گام توجیه می‌گردد. در ارتباط با نتایج مندرج در جدول ۶، طول میوه $71/40$ درصد از تغییرات مربوط به وزن میوه را توجیه نمود و به عنوان مؤثرترین صفت، وارد مدل پیشنهادی شده است. همچنین بر اساس نتایج و مدل برآزش، طول میوه در کل $80/04$ درصد از واریانس داده‌ها و تغییرات مربوط به وزن میوه را توجیه کرده است. در این آزمایش، نتایج رگرسیون گام به گام، نتایج تجزیه به مولفه‌ها را تایید کرده است.

علاوه بر این، به منظور آگاهی از نحوه تأثیر صفاتی که از طریق رگرسیون گام به گام وارد مدل پیشنهادی شدند از روش تجزیه مسیر نیز استفاده شده است. در تجزیه علیت و یا رگرسیون استاندارد شده، اثرات مستقیم و غیرمستقیم (علیت) و همبستگی‌های ساده بین صفات و اجزاء وارد شده در معادله نهایی، بررسی، ارزیابی و بصورت جامع‌تر تفسیر خواهد شد. در ارتباط با جمعیت NGF_2 بر اساس نتایج مشخص شده در جدول ۷، همه صفات، به‌ویژه صفات وارد شده به مدل، دارای اثرات غیرمستقیم مثبت بر وزن تک میوه بودند. بر اساس یافته‌های این پژوهش، وزن میوه بیش از 90 درصد تحت تأثیر مثبت و افزایشی صفات وارد شده به مدل رگرسیون گام به گام می‌باشد؛ بدین جهت، این صفات مهمترین خصوصیات گیاه در ارتباط با افزایش وزن میوه و به عنوان شاخص‌های مناسب برای گزینش وزن میوه و افزایش عملکرد معرفی می‌شوند، ضمن این‌که، بر اساس نتایج به دست آمده، میزان اثر باقی برابر با $R=0.31$ بود.

همچنین در ارتباط با جمعیت SGF_2 (جدول ۸)، در بین صفات وارد شده به مدل رگرسیون گام به گام، چهار صفت اصلی که دارای همبستگی و ضرایب علیت مثبت و معنی‌دار در سطح 1 درصد با وزن میوه بودند عمدتاً دارای اثرات غیر مستقیم مثبت و غیر معنی‌دار بر وزن میوه، از طریق همدیگر بر مدل بودند. بر اساس نتایج، افزایش وزن میوه بیش از 80 درصد تحت تاثیر صفات وارد شده به رگرسیون گام به گام بوده، و به نظر می‌رسد این صفات شاخص‌های مناسبی برای گزینش در این جمعیت باشند. با توجه به این‌که طول میوه دارای بیشترین اثر مستقیم و غیرمستقیم بر وزن میوه می‌باشد؛ لذا، دلیل عمده همبستگی بالای طول میوه با وزن میوه، تأثیر مستقیم آن بر وزن میوه باشد. علاوه بر این، طول میوه انتقال دهنده اثرات غیرمستقیم دیگر صفات بر وزن نیز می‌باشد. بنابراین، برای اصلاح وزن میوه در بوته، میوه‌های با طول بیشتر، گزینش و مورد استفاده قرار می‌گیرد، هر چند بر اساس نتایج حاصل میزان اثر باقی برابر با $R=0.45$ بود. نتایج این تحقیق، با مطالعات انجام شده توسط *Nanthacomar et al.* (2021) روی رقم F_1 و 6 والد طالبی مطابقت داشت؛ که نشان دادند عملکرد میوه بالاترین همبستگی را با وزن، طول، عرض و ضخامت گوشت میوه داشته است، و وزن میوه بالاترین اثر مستقیم مثبت را بر عملکرد میوه در خوشه دارا بود.

در ارتباط با پارامترهای ژنتیکی، وراثت‌پذیری بالا و پیشرفت ژنتیکی بالا نشان می‌دهد که صفت تحت تأثیر عملکرد افزایشی ژن قرار داشته، بنابراین مؤثرترین شرایط را برای انتخاب فراهم می‌کند (Tazeen, et al., 2009). با توجه به این که نتایج وراثت‌پذیری برای همه صفات در جمعیت NGF_2 بالا و برای شاخص شکل میوه در حد متوسط بوده است، می‌توان نتیجه گرفت که این صفات به صورت ژنتیکی کنترل می‌شوند (جدول ۹). همچنین، نتایج به دست آمده بیانگر مقادیر بالای وراثت‌پذیری، نسبت تنوع و بازده ژنتیکی (در سطح ۲ درصد گزینش) برای وزن میوه و تاریخ برداشت میوه مشاهده می‌باشد؛ که نشان می‌دهد تنوع این صفات به دلیل اثرات افزایشی بالای ژن بوده است. در نتیجه، زمینه برای بهبود عملکرد و زودرسی از طریق انتخاب و گزینش بیشتر می‌باشد. این نتایج با یافته‌های (Chacko (1992) روی برخی صفات کمی و نسبت گوشت به حفره میوه در خربزه مطابقت داشت. قند میوه دارای وراثت‌پذیری بالا (Abo Sadera, 2016)، تنوع فنوتیپی و ژنتیکی متوسط، نسبت تنوع بالا ولی پیشرفت ژنتیکی پایین بوده است که نشان دهنده نقش عملکرد غیرافزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفت است و ممکن است منجر به عدم گستره انتخاب شود. نتایج وراثت‌پذیری در ارتباط با جمعیت SGF_2 با یافته‌های (Rakhi & Rajamony (2005) روی وراثت‌پذیری و تنوع ژنتیکی برخی صفات کمی مورد ارزیابی ملون‌ها مطابقت داشت. در هر دو جمعیت NGF_2 و SGF_2 اکثر صفات ارزیابی شده به جز عرض میوه و روز تا برداشت (شاخص رسیدگی) دارای ضرایب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی متوسط تا بالا و ضرایب تنوع فنوتیپی بالاتر از ضرایب ژنتیکی بودند. این نتایج با یافته‌هایی که (Praveen et al (2017) روی طالبی انجام دادند مطابقت دارد.

در مجموع می‌توان بیان نمود که، در صفاتی با وراثت‌پذیری بالا انتخاب یا انجام هیبریداسیون براساس این صفات در نسل‌های اولیه موفقیت‌آمیز خواهد بود. اما در صفاتی با وراثت‌پذیری پایین، گزینش ژنوتیپ‌ها و لاین‌ها می‌بایستی تا نسل‌های بعدی ادامه یابد؛ بدین جهت، به نظر می‌رسد باید گزینش ژنوتیپ‌های برتر در نسل‌های اولیه جمعیت NGF_2 به ترتیب براساس طول و وزن میوه (دارای بازده ژنتیکی بالا)، مواد جامد محلول، و در جمعیت SGF_2 ، به ترتیب براساس روز تا برداشت میوه، ضخامت گوشت، مواد جامد محلول و وزن میوه که دارای بازده یا پیشرفت ژنتیکی بالایی بوده است صورت پذیرد. در پایان پس از گزینش نهایی و با در نظر گرفتن تاثیر مجموع صفات کمی و کیفی، بهترین ژنوتیپ‌ها به منظور ادامه خودگشنی جهت تولید لاین‌های والدی گزینش شدند. جدول ۱۱ برخی ویژگی‌های ژنوتیپ‌های منتخب نسل F_2 را نشان می‌دهد.

جدول ۱۱. ویژگی‌های میوه‌های والدی (ساوه، نیاگارا و گالیا) و تعدادی از میوه‌های NGF_2 و SGF_2

نام والد یا ژنوتیپ	والدی یا گزینش شده	ویژگی‌ها
سمسوری ورامین	والدی	میوه گرد و کمی پهن، خط دار و کمی سفت، رنگ پوست کرم روشن، کاملاً مشبک، ماندگاری و حمل و نقل ضعیف، گوشت سبز، شیرینی متوسط، تشکیل میوه متراکم و زودرس.
ساوه	والدی	میوه گرد و کمی پهن، خط دار، رنگ پوست نارنجی تا قهوه ای روشن، کاملاً مشبک، پوست میوه سفت، قابلیت حمل و نقل و ماندگاری بالا، گوشت سبز، بافت مطلوب، شیرینی کم، دیررس نسبت به سمسوری.
گالیا	والدی	میوه گرد، کاملاً مشبک، بدون خط و شیار، رنگ پوست زرد مایل به کرم، قابلیت حمل و ماندگاری بسیار بالا، گوشت سبز با بافت سفت و شیرینی بسیار بالا، مقاومت بالا در برابر برخی عوامل بوته میری و برخی ویروس‌ها.
NG3-56	ژنوتیپ برتر گزینش شده	میوه گرد و کمی پهن‌تر و بزرگ‌تر از والدین، مشبک، خط دار و شیاردار، رنگ پوست زرد مایل به کرم، رنگ گوشت سبز کم رنگ، شیرینی زیاد، قطر حفره میوه متوسط، زودرس‌تر از والد نیاگارا، پوست سفت، بوته با رشد گسترده و شکل آن در حد واسط والدین، دارای علائم خفیف ویروسی و بدون علائم بیماری روی برگ‌ها
NG4-57	ژنوتیپ برتر گزینش شده	میوه گرد و اندازه آن در حد گالیا، مشبک، خط دار و شیار دار، رنگ پوست زرد، رنگ گوشت سبز، شیرینی بسیار زیاد، قطر حفره متوسط تا بسیار زیاد. زودرس، پوست سخت، رشد بوته متوسط و شکل شبیه به والد گالیا، بدون علائم ویروس و بیماری روی برگ‌ها،
SG25-21-27	ژنوتیپ برتر گزینش شده	میوه گرد، با اندازه متوسط، مشبک، خطدار و شیاردار، رنگ پوست زرد متمایل به نارنجی، رنگ گوشت سبز، شیرینی بسیار زیاد، قطر حفره متوسط، دیررس، پوست سخت، رشد بوته زیاد و شکل شبیه به والد گالیا، دارای علائم ویروسی متوسط و علائم بیماری خفیف روی برگ‌ها،
SG25-72-8	ژنوتیپ برتر گزینش شده	میوه گرد و کمی پهن، با اندازه بزرگ، مشبک، و شیار دار، رنگ پوست نارنجی مایل به زرد، رنگ گوشت سبز، شیرینی متوسط، قطر حفره متوسط، متوسط رس، پوست سخت، بوته رشد متوسط داشته، و شکل آن حد واسط والدین، دارای علائم ویروسی متوسط و بدون علائم بیماری در برگ‌ها،

نتیجه‌گیری

بر اساس نتایج آماری و مشاهدات مزرعه‌ای و ظاهری، تنوع قابل ملاحظه و بالایی بین ژنوتیپ‌های دو جمعیت نسل F_2 حاصل از تلاقی مشاهده شد، بنابراین به نظر می‌رسد تنها راه مطمئن و قابل دسترس برای برون رفت از معضل فرسایش ژنتیکی ژرم‌پلاسم طالبی-خرزبه کشور، تمرکز بر اصلاح کلاسیک و تلاقی ارقام بومی مطلوب (حتی گزینش موردی ژن‌های کد کننده صفات مطلوب در ارقام و توده‌های نه چندان معروف داخلی) با ارقام F_1 تجاری وارداتی، می‌باشد؛ ضمن این‌که جهت اطمینان از حصول لاین‌های پیشرفته دارای صفات مطلوب، انجام آزمایشات مولکولی و گزینش به کمک نشانگر منطقی به نظر می‌رسد. در پایان تعداد ۳۰ ژنوتیپ از جمعیت NGF_2 و ۵۳ ژنوتیپ از جمعیت SGF_2 گزینش شد تا در نسل F_3 کشت شود.

سپاسگزاری

بدین وسیله از آقای کورش حاجب، سرکار خانم زهره اسدی و نیکتا گودرزی که در فصل خودگشنی بوته‌ها، و در آزمایشگاه از همکاری‌شان برخوردار بوده ایم سپاسگزاری می‌شود. همچنین، از مسئول محترم مزرعه آموزشی - تحقیقاتی دانشگاه جناب آقای مهندس نبوی و نیز کارشناس محترم آزمایشگاه جناب آقای مهندس نوری که جهت پیشرفت پروژه صادقانه همکاری نمودند صمیمانه تشکر و قدردانی بعمل می‌آید.

منابع

- عرب سلمانی، کریم، عابدی، مهیار، جعفری، پیمان، رافضی، رافضی، و شهریاری، داریوش. (۱۳۹۱). سمسوری ۸۸ رقم جدید طالبی با عملکرد بالا برای مناطق خشک و نیمه خشک ایران. مجله به زراعی نهال و بذر کشاورزی. ۲-۲۸ (۱)، ۱۲۳-۱۲۱.
- عرب سلمانی، کریم. (۱۳۸۵). ایجاد جمعیت طالبی سمسوری با استفاده از گزینش و خودگشنی لاین نیمه خواهری (SI گزارش نهایی پروژه تحقیقاتی شماره ۸۶/۱۲۷۴، مرکز تحقیقات ورامین، تهران، ایران. ۲۶-۱.
- سرپله، ابوالفضل. (۱۳۹۳). واکنش توده‌های طالبی و خربزه ایران به بیماری پوسیدگی ریشه و زوال گیاه ناشی از قارچ *Monesporascus cannonballus* مجله بیماری گیاهی، (۵۲)، ۴۷۷-۴۸۸.
- شهریاری، داریوش. و ترابی، محمد. (۱۳۹۲). واکنش ژنوتیپ‌های محلی و اصلاح شده خربزه و طالبی به بیماری ساق سیاه ناشی از قارچ *Macrophomina phaseolina* نشریه علمی-ترویجی یافته‌های تحقیقاتی در گیاهان زراعی و باغی. (۲)، ۱۷۵-۱۷۵.
- شیرعلی، امین، رامشینی، حسین. و سرزده‌ای، عباس. (۱۳۹۳). جداسازی و تشخیص قارچ‌های مرتبط با پوسیدگی ریشه طالبی در جنوب استان تهران. پایان نامه کارشناسی ارشد. دانشکده فناوری کشاورزی (پردیس ابوریحان) - دانشگاه تهران.

REFERENCES

- Abawi, G. S., Pastor, C., & Marcial, A. MA. (1990). *Root rots of beans in Latin America and Africa. Diagnosis, research methodologies, and management of strategies*. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), California, CO. (CIAT publication no. 35).
- Abo Sedera, F. A. Badr, L. A. A. Nagar, M. M. El. & Ayad, M. A. M. (2016). Inheritance of some fruit quality characteristics of melon. *Middle East Journal of Agriculture*, 05, 789-809.
- Adib, F. Y., Wiko, A. W., & Budi, S. D. (2022). Genetic stability of melon (*Cucumis melo* L. cv. Meloni) based on inter-simple sequence repeat and phenotypic characteristics. *Biodiversitas*, 23(6), 3042-3049.
- Y., Copel, A. & Fallik, E. (1993). Storing "Galia" melons in a controlled atmosphere with ethylene absorbent. *HortScience*, 28(7), 725-726.
- Arab Salmani, K., Abedi, M., Jafari, P., Rafzi, R., & Shahriari, D. (2012). Semsoori 88, a new high yielding cantaloupe cultivar for arid and semi-arid areas of Iran. Release of new cultivar. *Seed and Plant Production Journal*, 28-2 (1), 121-123. (In Persian).

- Arab-Salmani, K. (2007). Improvement of semsoori cantaloupe population using halvesib and selfing (S1) line selection. Final Report of Research Project No. 86/1274. Varamin Agricultural Research Center, Tehran, Iran. 26 p. (In Persian).
- Bahrami-Sirmandi, H. & Hasanzadeh, R. A. (2013). *A complete and pictured guide of vegetable culture and breeding*. Sarva Publishers, 244p. (In Persian).
- Chacko, E. (1992). *Evaluation of dessert of muskmelon (Cucumis melo L.) for southern region of Kerala*. M Sc (Hort) thesis, Kerala Agricultural University, Thrissur.
- Choudhary, B. R., Pandey, S., Rao, E. S., & Sharma, S. K. (2015). DUS characterization of muskmelon (*Cucumis melo*) varieties. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 85(12), 1597–1601.
- Damicone, J., Shrefler, J., & Brandenberger, L. (2020). *Guide for Identification and management of diseases of cucurbit vegetable crops*. Oklahoma Cooperative Extension Service. Division of Agricultural Sciences and Natural Resources Oklahoma State University.
- Darrudi, R., Nazeri, V., Soltani, F., Shokrpour, M. & Ercolano, M. (2018). Genetic diversity of *Cucurbita pepo* L. and *Cucurbita moschata* Duchesne accessions using fruit and seed quantitative traits. *Medicinal and Aromatic Plants*, 8, 60–66.
- Dogimont, C. (2011). Gene list for melon. *Cucurbit Genetics Cooperativ Report*, 133, 104-133.
- F.A.O. (2016). Biodiversity: Agricultural biodiversity in FAO. <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>.
- F.A.O. (2019). FAOSTAT agricultural database. <http://apps.fao.org>.
- Fallik, E., Alkali-tuvia, S., Horev, B., Copel, A., Rodov, V., Aharoni, Y., Ulrich, D. & Schulz, H. (2001). Characterisation of “Galia” melon aroma by GC and mass spectrometric sensor measurements after prolonged storage. *Postharvest Biology and Technology*, 22, 85-91.
- Feyzian, E., Dehghani, H., Rezai, AM. & Javaran, MJ. (2009). Diallel cross analysis for maturity and yield-related traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Euphytica*, 168, 215-223.
- Hamza, H., Asghari, A., Mohammadi, S. A., Sofalian, O & Mohammadi, S. 2018. Estimates of heritability and association among traits in recombinant inbred lines of spring wheat under normal and terminal water conditions. *Journal of Crop Breeding*, 10(27), 10-19.
- Jariani, P., Ramshini, H., Lotfi, M., Amini, F., Abtahi, H. & Ahmadvand, R. (2022). Development of cantaloupe (*Cucumis melo*) lines carrying Vat gene with favorable fruit traits. *European Journal of Horticultural Science*, 87(5), 1-10.
- Kayak, N. & Türkmen, Ö. (2022). Revealing morphological variability in some S1 level melon genotypes. *International Journal of Agricultural and Natural Sciences*, 15(1), 109-124.
- Kurosky, K., Kuhn, K., Luton, J. & Rosenberg, S. (2016). *Field guide to cucurbit diseases reference guide to cucumber, melon, pumpkin and watermelon diseases*. Translated by Alizadeh, M. (1th Ed). Miyad Andisheh Publication. 246 p. (In Persian).
- Mardanzadeh, D., Zahedi, B., & Darwishzadeh, R. (2014). Investigating the genetic diversity of native pumpkin populations in northwest Iran in terms of morphological and physiological traits. *Agricultural and Horticultural Plant Breeding*, 3(1), 107-123.
- Mohammadi, S. A. & Prasanna, B. M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants: Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43(4), 1235-1248.
- Nanthakumar, S., Sankar, R. S. & Rameshkumar, D. (2021). Correlation and path analysis studies on yield and yield components in musk melon (*Cucumis melo* L.). *International Journal of Plant & Soil Science*, 33(21), 130-136.
- Pistorale, S. M., Abbott, L. A. & Adriana, A. (2008). Genetic diversity and broad sense heritability in tall wheatgrass (*Thinopyrum ponticum*). *Ciencia e Investigación Agraria*, 35, 213-218.
- Pitrat, M. (2008). Melon In: Prohens, J. and Nuez, F. (Eds.). *Handbook of plant breeding-vegetables I*. Springer, New York, 283–316.
- Pouyesh, A., Lotfi, M., Ramshini, H., Shamsitabar, A. & Armiyoun, E. (2017). Genetic analysis of yield and fruit traits in cantaloupe cultivars. *Plant Breeding*, 136 (4), 569–577.
- Prajapati, P. J., Acharya, R. R., Patel, N. D., Pandya, M. M. & Patel, NA. (2022). Character

- association and path analysis for fruit yield and its contributing traits in muskmelon (*Cucumis melo* L.). *The Pharma Innovation Journal*, 11(1), 670-674.
- Praveen Kumar Reddy¹, B., Hameedunnisa, B., Sunil, N. & Thirupathi Reddy¹, M. (2017). Variance component analysis of quantitative traits in muskmelon (*Cucumis melo* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6 (6), 2277-2285.
- Rajitha Nair, S. & Kumar, S. (2021). Innovation in hybrid seed production of vegetable crops, a review. *The Pharma Innovation Journal*, 10 (7), 1270-1275.
- Rakhi, R. & Rajamony, L. (2005). Variability, heritability and genetic advance in landraces of culinary melon (*Cucumis melo* L.). *Journal of Tropical Agriculture*, 43 (1-2), 79-82.
- Roy, D. (2000). *Plant breeding analysis and exploitation of variation*. Alpha Science International LTD.
- Roy, K. W. (1997). Fusarium solani on soybean roots: Nomenclature of the causal agent of sudden death syndrome and identity and relevance of F. solani form B. *Plant Disease*, 81(3), 259-266.
- Sarpeleh, A. (2017). Reaction of muskmelon and cantaloupe landraces to root rot and vine decline disease caused by *Monosporascus cannonballus*. *Iranian Journal of Plant Pathology*, 52 (4), 477-488. (In Persian).
- SAS. Institute. (2011). SAS Version 9.1. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Shahriari, D. & Torabi, M. (2013). Response of Iranian local and improved genotypes of melon and musk melon to charcoal rot disease caused by *Macrophomina phaseolina*. *Research Achievements for Field and Horticulture Crops*, (2), 176-165. (In Persian).
- Shir Ali, A., Ramshini, H. & Sharezai A. (2015). *Isolation and identification of fungi associated with cantaloupe and root rot in the southeast of Tehran province*. Master thesis. Aburihan Campus, University of Tehran. (In Persian).
- Soltani, F., Shajari, M., Sadat Mirbehbahani, G. & Bihamta, M. R. (2022). Assessment of melon genetic diversity based on fruit phenotypic traits and flowering habits. *International Journal of Horticultural Science and Technology*, 9(1), 97-116.
- SPSS INC. (2010). SPSS 19. Users guided. SPSS Inc, Chicago, IL, USA, 635.
- Tazeen, M., Nadia, K., & Farzana, N. N. (2009). Heritability, phenotypic correlation and path coefficient studies for some agronomic characters in synthetic elite lines of wheat. *Journal of Food Agricultur Environment*, 7(3&4), 278-282.
- Yeater, K. M., Bollero, G. A., Bullock, D. G., Rayburn, A. L. & Rodriguez-Zas, S. (2004). Assessment of genetic variation in hairy vetch using canonical discriminant analysis. *Crop Sciences*, 44, 185-189.