

Investigating Genetic Diversity and Prediction of Heritability in a Segregating F₂ Population Derived from a Cross of Saveh (Cantaloupe) × Cory (Galia Type)

Safdar Pour Mombeini¹, Mahmoud Lotfi², Navazalaah Sahebani³, Hossein Ramshini^{4*}

1- Graduated with a PhD in Horticultural Sciences, Department of Horticulture Sciences, Agricultural College of Abouraihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran.

2-Associate Professor, Department of Horticulture Sciences, Agricultural College of Abouraihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran.

3-Associate Professor, Department of Entomology and Plant Pathology, Agricultural College of Abouraihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran.

4- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding Sciences, Agricultural College of Abouraihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran.

* Corresponding author: ramshini_h@ut.ac.ir

(Received: 15 January 2025

Revised: 04 October 2025

Accepted: 07 October 2025)

Extended Abstract

- 1. Introduction:** Melon (*Cucumis melo* L.) is one of the most important cucurbit crops and has a long history of cultivation in Iran. However, because local varieties show high susceptibility to fungal and viral diseases, most growers have shifted toward imported hybrid cultivars. To combine desirable parental traits and establish a broadly diverse breeding population, two contrasting parents were crossed: (i) the Saveh cantaloupe, a native, homogeneous cultivar with round, striped fruits, a fully reticulate orange skin, high transportability and long shelf life, green flesh, low sweetness, mild fragrance, slightly late maturity and high sensitivity to certain diseases (e.g., damping-off and viruses) and (ii) Cory, a commercial Galia-type hybrid from Seminis Company, characterized by round, fully reticulate fruits without skin lines, a yellow-to-cream skin, high transportability and shelf life, thick flesh, small seed cavity, green flesh with high sweetness and quality superior to domestic cultivars, and resistance to *Fusarium* wilt (*Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*), several viruses, and powdery mildew (according to the manufacturer's label).
- 2. Materials and methods:** Parental plants were established, and the F₁ seed was produced in the spring of 2017. The F₁ generation was self-pollinated in the autumn of the same year. In late autumn, F₂ seeds were collected from the F₁ plants. In the following spring, 1,500 F₂ seeds from the Saveh × Galia cross, together with the parental and F₁ seeds, were sown in seedling trays to form a large F₂ population. After three weeks, the seedlings were transplanted to the research field of the Agricultural College of Abouraihan, University of Tehran, Pakdasht, at a spacing of 80 × 170 cm. The breeding method used was pedigree selection. To produce F₃ seed, all F₂ plants were self-pollinated together with the parental plants. For self-pollination, male and female flowers were isolated one day in advance and hand-pollinated under controlled conditions the following morning. Three flowers per plant were pollinated, and more than 4,500 flowers were self-pollinated in total. During vegetative and reproductive growth, while routine agronomic care was carried out, plants were evaluated and recorded for important morphological traits and for resistance to disease, viruses, and mites under natural field conditions. In the laboratory, the self-pollinated fruits of the selected plants were subsequently evaluated on the basis of fruit-quality indicators. All qualitative traits and resistance scores were recorded on a ranked scale.
- 3. Results and Discussion:** The results showed that soluble solids content, number of days to harvest, and flesh thickness had high broad-sense heritability, whereas fruit weight and seed-cavity diameter showed medium and low heritability, respectively. Pearson correlation coefficients showed that fruit weight had a positive, significant relationship with all quantitative traits measured except fruit sugar. The strongest correlations were between fruit weight and fruit length (0.845) and between fruit weight and fruit width (0.825). In the F₂ population, positive transgressive segregation beyond the superior parent was observed for all quantitative traits, and negative transgressive segregation below the parent with the lower value was observed for all traits except fruit shape index. Regarding seed-cavity size, 7% of the progeny showed positive and 16% showed negative transgressive segregation relative to the parents. More than 60% of genotypes segregated beyond the parents for flesh thickness. For soluble solids (TSS), only 10% of genotypes exceeded the superior parent. In the F₂ population, 56% of fruits had yellow-orange skin, 1% cream, 13% green, 24% yellow, and 6% white, and most genotypes had green flesh. All F₁ plants were netted (reticulate) with no or faint stripes,

whereas in the F₂, 64% of genotypes were completely reticulate, 60% were striped, and 40% had no or faint stripes. Regarding disease and pest responses, Galia parent plants were all healthy, while all Saveh parent plants were infected. Approximately 70% of the SGF₁ and 75% of the SGF₂ plants were healthy. For viral infection, 17% of Galia parent plants were healthy, while all Saveh parents were infected with various viruses. Of the F₁ plants, 62% showed no signs of viral infection, whereas in the SGF₂ population only 26% of genotypes were healthy and the remainder showed low to severe infection. With respect to the two-spotted spider mite, 83% of Galia and 17% of Saveh parent plants, respectively, showed no infection.

4. **Conclusion:** Considering the strengths and weaknesses of each parent, the resulting F₂ population showed high diversity and recombination with clearly defined, distinguishable phenotypes. The high heritability of several quantitative traits promises to yield valuable breeding lines in the future. In general, for traits with high heritability, the genetic variance exceeded the environmental variance; therefore, selection for these traits in early generations should be more reliable and successful. Accordingly, superior F₂ genotypes should be selected primarily based on disease resistance, flesh thickness, soluble solids content, and fruit weight.

Keywords: Correlation analysis, Invasive segregation, Breeding population, Selection, Heritability.

Citation: Pour Mombeini, S., Lotfi, M., Navazalaah, S. & Ramshini, H. (2026). Investigation of a second-generation segregating population derived from crossing Saveh cantaloupe × Cory variety in the Galia type group. *Journal of Vegetables Sciences*, 19(1), 143-170. Doi: 10.22034/iuvs.2025.2050756.1404

Copyrights:

Copyright for this article is retained by the author(s), with publication rights granted to Journal of Vegetables Sciences. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>).



مطالعه تنوع ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری در جمعیت در حال تفکیک حاصل از تلاقی طالبی ساوه × کوری (گالیا تایپ)

صفدر پور ممبینی^۱، محمود لطفی^۲، نوازاله صاحبانی^۳، حسین رامشینی^{۴*}

۱- دانش آموخته مقطع دکتری علوم باغبانی، گروه علوم باغبانی، دانشکده فناوری کشاورزی (ابوریحان)، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران.

۲- دانشیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده فناوری کشاورزی (ابوریحان)، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران.

۳- دانشیار، گروه حشره‌شناسی و بیماری‌های گیاهی، دانشکده فناوری کشاورزی (ابوریحان)، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران.

۴- دانشیار، گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، دانشکده فناوری کشاورزی (ابوریحان)، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران.

*نویسنده مسئول: ramshini_h@ut.ac.ir

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۷/۱۵

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۰۷/۱۲

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۰/۲۶

چکیده

طالبی یکی از مهمترین محصولات جالیزی است. با وجود طعم دلپذیر، به دلیل عملکرد پایین و همچنین حساسیت بالای آن‌ها به بیماری‌های قارچی و ویروسی اغلب جالیزکاران به کشت ارقام هیبرید وارداتی گرایش دارند. به منظور بهنژادی صفات ناپسند طالبی ساوه، این رقم با هیبرید تجاری از گروه گالیا تلاقی داده شد. رقم گالیا به بیماری‌ها و ویروس‌ها بسیار مقاوم بوده ضخامت گوشت بالا دارد و میوه آن بسیار شیرین است. تعداد ۱۵۰۰ عدد بوته F_2 حاصل از تلاقی ساوه در گالیا به همراه بذور ارقام والدی و نسل اول آن‌ها کشت شدند. پس از خودگشتی، تمام بوته‌ها ارزیابی و گزینش آن‌ها به ترتیب در شرایط طبیعی مزرعه برای صفات مورفولوژیک و مقاومت به ویروس و بیماری‌های بوته‌میری و در آزمایشگاه برای صفات کمی و کیفی صورت گرفت. نتایج نشان داد مواد جامد محلول (۰/۹۲۲)، تعداد روز تا برداشت (۰/۹۹۴) و ضخامت گوشت میوه (۰/۹۲۰) دارای وراثت‌پذیری عمومی بالا بودند. در جمعیت F_2 برای صفات کمی تفکیک متجاوز قابل توجه مشاهده شد. ۶۴٪ ژنوتیپ‌های جمعیت F_2 کاملاً مشبک و ۳۶٪ دارای میزان شبکه کمتر یا پوست میوه صاف بودند. همچنین ۶۰٪ ژنوتیپ‌های جمعیت F_2 خط دار بودند و بیش از ۹۰٪ دارای رنگ پوست میوه زرد و رنگ گوشت سبز بودند. توارث‌پذیری بالای برخی صفات کمی نویدبخش کارایی بالای گزینش به منظور دستیابی به لاین‌های با ارزش خواهد بود. بنابراین بهتر است گزینش ژنوتیپ‌های برتر به ترتیب بر اساس زودرسی، ضخامت گوشت و مواد جامد محلول و وزن میوه صورت گیرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه همبستگی، تفکیک متجاوز، جمعیت اصلاحی، گزینش، وراثت‌پذیری.

استناد: پورممبینی، ص.، لطفی، م.، صاحبانی، ن. و رامشینی، ح. (۱۴۰۵). مطالعه تنوع ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری در جمعیت در حال تفکیک حاصل از تلاقی طالبی ساوه × کوری (گالیا تایپ). مجله علوم سبزی‌ها، ۱۹ (۱)، ۱۴۳-۱۷۰.

حق چاپ:



حق چاپ برای نویسنده (گان) این مقاله محفوظ است. بر اساس قوانین انتشارات با دسترسی آزاد، تمام مطالعات چاپ شده در این مجله به صورت آزاد در وب سایت مجله برای عموم بدون پرداخت هزینه قابل دسترسی است.

مقدمه

طالبی و خربزه مهم‌ترین گروه‌های رقمی گونه *Cucumis melo* (Cucurbitacea, 2n=2x=24) و از پرطرفدارترین میوه‌های جالیزی هستند که کشت و مصرف آن‌ها در فلات ایران سابقه بسیار طولانی دارد. بر اساس گزارش سالانه سازمان خواروبار کشاورزی ملل متحد، سطح زیر کشت این محصول در سال ۲۰۲۲ بیش از ۱ میلیون و ۶۲ هزار و پانصد هکتار و تولید ۲۸/۵ میلیون تن، با میانگین عملکرد ۲۶/۸۷ تن در هکتار بوده است. در همین سال ایران با تولید ۷۰۰۰۰۰ تن هفتمین تولید کننده برتر این محصول در جهان بوده است (F.A.O, 2024). در پی کشت و گزینش کشاورزان طی قرن‌های پیاپی، ده‌ها رقم محلی به جای مانده است که برخی آن‌ها مانند طالبی ساوه، سمسوری، ریش بابا و انواع تیل کاملاً شناخته شده و در سطوح وسیع کشت می‌شوند. اگرچه ارقام یاد شده اغلب از کیفیت و طعم نسبتاً مطلوبی برخوردار هستند ولی شیرینی میوه در آن‌ها کم می‌باشد، همچنین ماندگاری و پس از برداشت پایینی دارند؛ ضخامت گوشت در آن‌ها کم، قطر حفره عرضی میوه بالا و نسبت گوشت به حفره عرضی در آن‌ها پایین است، به علاوه دیررس هستند و البته نسبت به انواع بیماری‌های قارچی (*Fusarium Oxysporum*, *Macrophomina phaseolina*, *Phytophthora capsici*) (Shir-Ali, 2016) و ویروس CMV (Gholizadeh-Roshanagh & WMV, ZYMV) (Nouri Nejad-Zarghani, 2016) حساس هستند.

عدم وجود برنامه به‌نژادی برای این ذخایر ژنتیکی با ارزش موجب گردید عملکرد طالبی‌ها طی چند دهه گذشته در ایران بر خلاف دیگر مناطق جهان (F.A.O, 2024) روند نزولی داشته باشد. از سوی دیگر هر ساله ارقام و هیبریدهای جدیدی توسط شرکت‌های بذری معرفی می‌شوند؛ که با وجود قیمت بسیار بالا به دلیل داشتن صفات کیفی مطلوب، ویژگی‌های زراعی بهتر و مقاومت به طیف وسیع‌تری از بیماری‌ها مورد استقبال کشاورزان قرار می‌گیرند. ادامه این روند، ضمن فرسایش

شدید ژنتیکی ارقام و توده‌های بومی و خطر نابودی این میراث گرانبهای چند هزار ساله، موجب وابستگی به شرکت‌های خارجی، خروج هر ساله ارز از کشور و عدم بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی کشور خواهد شد (Lotfi, 2003). از این‌رو مطالعات مربوط به ذخائر ژنتیکی، سامان‌دهی و حفاظت از مواد گیاهی، شناسایی و گزینش درست ژنوتیپ‌های موجود در این جمعیت‌ها و تولید لاین‌های مطلوب و ارقام هیبرید بسیار حیاتی و ارزشمند می‌باشد. ضمن اینکه در شرایط کنونی منطقه‌ای و جهانی، باید اولویت اصلاح خربزه و طالبی، تولید مقاومت چندگانه در برابر بیماری، اندازه و یکنواختی میوه، ویژگی‌های کیفی میوه (رنگ، عطر ملایم، سفتی، ضخامت) و ماندگاری بالا برای نگهداری و صادرات با هدف کاهش ضایعات پس از برداشت باشد. بنابراین یکی از مهم‌ترین وظایف امروز محققان بخش کشاورزی کشور در حوزه باغبانی و اصلاح محصولات باغبانی تقویت خزانه ژنتیکی خربزه و افزایش پتانسیل صادرات این محصول بر اساس میزان افزایش تنوع گونه‌های دارای قابلیت صادراتی است.

براین اساس آگاهی از صفات، نوع عمل ژن‌های کنترل کننده، برتری نتاج به والد (هتروزیس)، وجود تفکیک متجاوز نسبت به والدین در گزینش ژنوتیپ‌های برتر نسل‌های در حال تفکیک اهمیت فراوانی دارد. بهره‌گیری از پدیده هتروزیس و بالابودن وراثت‌پذیری عمومی احتمالاً معرف بالا بودن تنوع ژنتیکی نسبت به تنوع محیطی و همچنین ادغام اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در جامعه مورد نظر می‌باشد. هر مقدار میزان وراثت‌پذیری صفتی بالاتر باشد، بیشتر تحت تاثیر و کنترل عوامل ژنتیکی می‌باشد و تنوع ژنتیکی بیشتری را باعث می‌شود، در نتیجه نرخ نسبی انتقال صفات از والدین به نتاج بالاتر خواهد بود (Zalapa et al., 2007, 2008).

پیشرفت اصلاح یک صفت تحت گزینش، بستگی به وراثت‌پذیری خصوصی آن دارد. بالا بودن وراثت‌پذیری خصوصی نشان دهنده سهم پایین اثرات محیطی و بالا بودن سهم جزء افزایشی و اثرات افزایشی ژن‌ها در

انتخاب والدین دارای صفات مطلوب برای انجام تلاقی، اولین گام در هر برنامه اصلاحی محسوب می شود تا با تلاقی آن‌ها و متعاقباً گزینش‌های پی در پی بتوان به ترکیب مناسبی از صفات مورد نظر در ارقام جدید دست یافت. بنابراین در به نژادی برای صفات مطلوب مورد نظر، افزایش تنوع ژنتیکی از طریق اینتروگرسیون و نوترکیبی در قالب یک جمعیت بزرگ متنوع عامل اصلی است؛ سپس می‌تواند قبل از تبدیل شدن به یک لاین والدینی، به خالص‌سازی ژنوتیپ‌های برتر گزینش شده ادامه داد.

Virupakshi و همکاران (2022) با ارزیابی جمعیت F_2 حاصل از سه تلاقی درون گونه‌ای خربزه و ملون منگلور (Cross-I, Haramadhu $\times$ MS-78، cross-II, Madhuras $\times$ MS-79 و cross-III, Arka Siri $\times$ SS-17)، نشان دادند تنوع قابل توجهی برای همه صفات مورد مطالعه مشاهده شد؛ به‌طوری که برای طول ساقه، میانگین وزن میوه، تعداد میوه در هر ساقه، عملکرد میوه در هر ساقه، ضخامت گوشت و ماندگاری تنوع بیشتری مشاهده شد. ضریب تغییرات فنوتیپی (PCV)، ضریب تغییرات ژنوتیپی (GCV) و وراثت‌پذیری بالا همراه با پیشرفت ژنتیکی (GA) برای عملکرد میوه در هر ساقه، میانگین وزن میوه، تعداد میوه در هر ساقه، طول میوه، شاخص شکل میوه (نسبت طول میوه به عرض میوه) و طول دمگل در تمام تلاقی‌ها مشاهده شد. به‌طور کلی، نتایج نشان داد فضای زیادی برای بهبود این ویژگی‌ها از طریق انتخاب مستقیم و غیرمستقیم وجود دارد.

Kameli و همکاران (2020) به منظور ارزیابی تنوع فنوتیپی ۸۱ ژنوتیپ بادمجان، خصوصیات کمی و روابط بین صفات را مورد بررسی قرار دادند، نتایج نشان داد از نظر تمام صفات کمی و کیفی اندازه‌گیری شده اختلاف آماری معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. عملکرد میوه با صفات وزن میوه، تعداد میوه در بوته، تعداد شاخه در بوته و طول میوه ارتباط مثبت و معنی‌داری داشت.

کنترل آن صفت می‌باشد. ولی در صورت پایین بودن وراثت‌پذیری خصوصی، گزینش گیاهان در نسل‌های نخست به منظور بهبود این صفات، بازده ژنتیکی مطلوبی نداشته و بهتر است به نسل‌های پیشرفته‌تر موقوف شود تا همراه با افزایش سهم اثرات افزایشی ژن‌ها، بازده ژنتیکی گزینش نیز افزایش یابد (Jafari *et al.*, 2021). بنابراین با ترکیب صفات مطلوب کمی یا کیفی و تجمع ژن‌های افزایشی و غیر افزایشی می‌توان ارقام هیبرید برتر را برای صفات مهم زراعی خربزه و طالبی اصلاح نمود. مشاهده و وجود فنوتیپ‌های برتر، متجاوز و خارج از محدوده تغییرات والدین هنگام دورگ‌گیری در نسل‌های درحال تفکیک بویژه در نسل F_2 از ویژگی‌های بارز صفات کمی است که توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شود (Rieseberg *et al.*, 199; Upadhyaya *et al.*, 2011; Yildirim *et al.*, 2009). تولید این نتاج برتر و متجاوز وابسته به وقوع پدیده تفکیک متجاوز است که یکی از مهمترین مکانیزم‌های تولید گیاهان اهلی از گیاهان وحشی می‌باشد (Albertson *et al.*, 2005; Hiadlovskaya *et al.*, 2013). در وقوع این پدیده باید اثر ژن‌های کنترل‌کننده یک صفت در مکان‌های ژنی مختلف به‌صورت افزایشی باشد (Hiadlovskaya *et al.*, 2013). در هر تلاقی می‌توان این ژنوتیپ‌های برتر تفکیک یافته را با خودگشتی و گزینش تثبیت کرد. گزینش و انتشار این فنوتیپ‌های برتر در تلاقی‌های بین گونه‌ای مخصوصاً زمانی که این تفکیک یافته‌ها به خویشاوندان وحشی خود شباهت داشته باشند به نوعی استفاده از ژن‌های مطلوب با کارایی ویژه است که می‌توانند راهگشای افزایش عملکرد، کیفیت و مقاومت باشند. هر چقدر عمل افزایشی ژن‌ها برای صفات مورد نظر بیشتر باشد بازدهی ناشی از انتخاب نیز بیشتر است و می‌توان از آن صفات در برنامه‌های به نژادی استفاده نمود. ضمن این‌که از اثرات غالبیت و فوق غالبیت نیز می‌توان در برنامه‌های تولید ارقام دورگ و بهره‌مندی از هتروزیس استفاده نمود (Ehdaie, 2008; Kolbehdari, 2018).

تجزیه رگرسیون گام به گام نشان داد که صفات تعداد میوه در بوته و وزن میوه وارد مدل نهایی شدند. تجزیه باپلات بر اساس دو مؤلفه اول نشان داد که تنوع ژنتیکی مناسبی در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی وجود داشت. Marveldani و Nugroho (2023) با هدف شناسایی تنوع جمعیت آزاد گرده افشان ملون و عملکرد آن‌ها پس از خودگشتی در آزمایشی نشان دادند تنوع گسترده‌ای در متغیرهای کمی و کیفی، به جز رنگ گوشت میوه، وزن و میزان قند، مشاهده شد. جمعیت پس از خودگشتی (جمعیت S_1) دارای صفات کیفی یکنواخت و یکدستی بود. تمام میوه‌های نمونه‌برداری شده، بیضی، متوسط با پوست مشبک و دارای دو رنگ (زرد مایل به سبز و سبز) بودند. همچنین، تنوع محدودی برای قطر میوه، وزن و میزان قند، مشاهده شد. همچنین صفات کمی دارای وراثت پذیری پایینی بودند. در جمعیت‌های در حال تفکیک F_2 تنوع گسترده‌ای از صفات کمی و کیفی مشاهده شد که نشان می‌داد تلاقی به طور موثری تنوع را طبق نظریه تعادل هاردی-واینبرگ حفظ می‌کند. علاوه بر این، وراثت پذیری بالا برای دو صفت، شکل کشیده و رنگ سبز میوه پس از خودگشتی مشاهده شد که مانند صفات آللیک ساده به نظر می‌رسید. soltani و همکاران (2023) به منظور افزایش ترکیبات فرار (عطر و طعم) طالبی و خربزه ایرانی، با بررسی جمعیت‌های بین گروهی F_1 و لاین‌های والدینی به روش دای آلل نشان دادند که ترکیبات مورد بررسی از طریق اثرات ژنتیکی غیرافزایشی با نسبت ترکیب‌پذیری عمومی به خصوصی کمتر از $0/4$ کنترل می‌شوند. نتایج هتروزیس بالا در الکل‌هایی مانند اتانول و اکتانول در پوست و گوشت و بنزیل الکل در پوست مشاهده شد. این مشاهدات بیشتر بر کنترل غیرافزایشی این ترکیبات تأکید داشت. Abbasi (2024) به منظور ارزیابی روابط بین صفات و شناسایی والدین با فواصل ژنتیکی بالا، با تجزیه و تحلیل چند متغیره صفات کمی و کیفی در ارقام هیبرید فلفل دلمه ای، نشان داد عملکرد میوه در بوته با طول، قطر، وزن، ضخامت گوشت میوه و وزن صد دانه همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت.

تجزیه خوشه‌ای هیبریدها را در چهار گروه مجزا قرار داد و پراکندگی و توزیع رنگ‌های مختلف فلفل دلمه‌ای در گروه‌های مجزا، فاصله ژنتیکی بالا بین هیبریدها را تأیید کرد. در این بررسی در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، همبستگی صفات مورد بررسی با مؤلفه‌ها نشان داد مؤلفه اول با مقدار $39/67$ درصد به صفت عملکرد میوه و مؤلفه دوم با مقدار $18/24$ درصد به صفت کیفی میوه (مواد جامد محلول) اختصاص داشت.

Napolitano و همکاران (2020) به منظور ارزیابی عملکرد هیبریدهای خربزه برای تعدادی از صفات مهم تجاری، تخمین اثرات ژنی و هتروزیس و شناسایی هرگونه همبستگی بین آن‌ها و فاصله ژنتیکی والدینشان در یک آزمایش نیمه دی‌آلل نشان دادند اثرات ژنی افزایشی به عنوان مهمترین جزء ژنتیکی، برای همه صفات مورد بررسی (عملکرد در هر بوته، TSS زودرسی) محسوب می‌شود. در نتیجه، وراثت‌پذیری‌های خصوصی برای این صفات نسبتاً بالا بود که نشان دهنده امکان دستیابی به دستاوردهای خوب از طریق گزینش بود. همچنین نتایج نقش محوری اپیستازی در کنترل صفات را نیز نشان می‌داد؛ و هتروزیس قابل توجهی برای عملکرد و TSS ثبت شد؛ که به طور کامل با اثرات اپیستازی افزایشی در افزایشی $(a \times a)$ موجود در ترکیب‌پذیری عمومی والدین قابل بیان بود. به علاوه، از آنجایی که ترکیب‌پذیری خصوصی معنی‌دار نشد، اثرات اپیستازی ژنی غالبیت، $a \times a$ و $d \times d$ احتمالاً بر هتروزیس بی تأثیر بود. عدم همبستگی بین هتروزیس و فاصله ژنتیکی (GD) تأیید می‌کند که فاصله ژنتیکی قادر به پیش‌بینی هتروزیس نیست، زیرا فاصله ژنتیکی قادر به در نظر گرفتن اثرات متقابل اپیستازی نیست. همچنین نتایج نشان داد ترکیب‌پذیری عمومی برای همه صفات مورد بررسی به طور قابل توجهی نسبت به ترکیب‌پذیری خصوصی همبستگی بیشتری داشتند. Dantas و همکاران (2023) به منظور کنترل ژنتیکی صفات مرتبط با کیفیت میوه خربزه در نسل‌های F_1 ، F_2 ، BC_1 و BC_2 حاصل از تلاقی‌های $OL \times A-16$ و $OL \times PV$ دو آزمایش مجزا پارامترهای مربوط به

وراثت‌پذیری و تعداد جایگاه‌های ژنی کنترل‌کننده صفات را به صورت گسترده مورد ارزیابی قرار دادند. نتایج نشان داد توارث صفات مورد ارزیابی پیچیده بود و یک ژن با اثر بیشتر و چند ژن با اثرات افزایشی و غالبیت کمتر، صفات را کنترل می‌کند. در ضمن گزارش‌های متعددی از جمله Pouyesh و همکاران (2017) وجود دارد که نشان می‌دهد عملکرد در هر بوته در طالبی عمدتاً مبتنی بر اثر افزایشی ژن‌ها می‌باشد.

در ایران یکی از بهترین منابع ژنتیکی موجود در کشور رقم طالبی ساوه است که یک رقم بومی و آزاد گرده افشان (Open pollination) می‌باشد که به دلیل شکل مناسب، خطدار بودن، میزان شبکه مناسب پوست و طعم نسبتاً مطلوب میوه سطح کشت وسیعی را به خود اختصاص داده است؛ در صورتی که دیرس می‌باشد، دارای شیرینی نسبتاً پایین بوده و آسیب‌پذیری بالا نسبت به انواع بیماری‌های قارچی بوته میری و بیماری‌های ویروسی دارد؛ همچنین نسبت گوشت به حفره در آن پایین می‌باشد (Ramezan *et al.*, 2020). از طرف دیگر، طالبی رقم وارداتی F₁ هیبرید تجاری کوری در گروه گالیا تایپ یکی از بهترین منابع ژنتیکی حال حاضر در کشور می‌باشد که دارای عملکرد مطلوب، قند بالا، قطر حفره عرضی خیلی کم، کاملاً مشبک و تحمل نسبتاً بالا به برخی از ویروس‌ها و قارچ‌ها مانند فوزاریوم و سفیدک پودری می‌باشد (Sousaraei *et al.*, 2017; Taghikhani *et al.*, 2018).

هدف از این پژوهش دستیابی به ژنوتیپ‌های برتر دارای میزان قند بالاتر، زودرس‌تر از والد ساوه، کاملاً مشبک نسبت به ساوه و دارای تحمل بالاتر نسبت به ویروس‌های شایع در منطقه (Shir-Ali, A. 2016)، مانند بیماری فوزاریوم، پوسیدگی ذغالی و کنه تارتن دونقطه ای بوده است. از این‌رو در این تحقیق تلاش گردید تا از طریق تلاقی رقم ساوه به عنوان رقم برتر داخلی با رقم هیبرید F₁ تجاری وارداتی از گروه گالیا (دارای شیرینی و کیفیت میوه مناسب و بالاتر از ارقام داخلی بویژه والد داخلی ساوه و همچنین دارای بودن

برخی از ژن‌های مطلوب کیفیت و مقاومت، که همه در آن تجمع یافته‌اند) صفات مطلوب این دو والد در ژنوتیپ‌های جمعیت نسل F₂ تجمع و ترکیب گردد و با گزینش برترین ژنوتیپ‌ها در این نسل F₂ به روش شجره‌ای (Pedigree method) اقدام به اصلاح این رقم بومی صورت پذیرد. در این پژوهش میزان وراثت‌پذیری، مقادیر کمینه و بیشینه میانگین والدین و نسل‌های F₁ و F₂ و نیز تفکیک متجاوز و فراوانی نسبی صفات کیفی در نسل F₂ مورد مطالعه قرار گرفت تا بهترین ژنوتیپ‌ها در جمعیت در حال تفرق گزینش شوند.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق با توجه به هدف برنامه‌ریزی شده (گزینش بهترین ژنوتیپ‌های نسل دوم جمعیت حاصل از تلاقی دو رقم طالبی بومی ساوه و رقم هیبرید F₁ تجاری گالیا) برای دستیابی به لاین‌های مطلوب والدی در نسل‌های پیشرفته و نهایتاً تلاقی بهترین لاین‌های والدی و ایجاد رقم یا ارقام هیبرید جدید F₁ دارای ترکیب صفات مطلوب دو والد، گام‌های رسیدن به این هدف به ترتیب عبارتند از:

۱) انتخاب منابع ژنتیکی مطلوب داخلی و

خارجی

۲) تلاقی ارقام والدی در بهار ۱۳۹۶

۳) تلاقی نسل اول آن‌ها در پاییز همان سال

۴) تشکیل جمعیت بزرگ F₂ در حال تفرق در

بهار سال ۱۳۹۷

۵) انجام کلیه مراقبت‌های زراعی مرسوم تا پایان

فصل

۶) خودگشنی تمامی بوته‌های در این جمعیت

بزرگ در حال تفرق

۷) اداره جمعیت به روش اصلاحی شجره‌ای

۸) بررسی و ارزیابی بوته‌ها از نظر صفات مهم

مورفولوژی و میزان تحمل یا مقاومت به

بیماری‌های رایج منطقه، ویروس و کنه تارتن

دونقطه‌ای در شرایط طبیعی مزرعه و یادداشت

توارث تک ژن غالب برای کنترل شبکه میوه (Herman *et al.*, 2008)، حساس به برخی بیماری‌های بوته‌میری و وپروس‌ها (Wall, 1967; Hanifehee *et al.*, 2014) و به عنوان والد پدری و منتخب بومی با یک رقم هیبرید تجاری محصول شرکت سمینس (Seminis) از تیپ گالیا با میوه گرد بیضوی، کاملاً مشبک، بدون خط و شیار، رنگ زمینه پوست زرد تا کرم، قابلیت حمل و نقل و ماندگاری بالا، ضخامت گوشت بالا و حفره کم، گوشت سبز دارای بافت سفت و پایدار، شیرینی بالا و کیفیت مطلوب نسبت به ارقام داخلی (Pitrat *et al.*, 2008)، عادت رشد رویشی به‌صورت رونده با سایه اندازی کم، دارای مقاومت نسبت به بیماری پژمردگی فوزاریمی (*Fusarium Oxysporum*, f. sp. *Melonis*) و برخی وپروس‌ها و سفیدک سطحی (بر اساس برچسب شرکت سازنده) دارای توارث تک ژنی غالب برای کنترل مقاومت به بیماری بوته‌میری فوزاریمی نژاد صفر و یک (Risser, 1973; Risser *et al.*, 1976; Robinson *et al.*, 1995) و توارث تک ژنی مغلوب برای کنترل مقاومت به وپروس لکه نکروز نقطه‌ای MNSV (Coudriet *et al.*, 1981; Perin *et al.*, 2002) که در بررسی‌های قبلی (Sousaraei *et al.*, 2017; Taghikhani *et al.*, 2018) انتخاب شده بودند تلاقی داده شدند. تصویر گیاهان والدی و یکی از ژنوتیپ‌های گزینش شده در جمعیت F₂ در شکل ۱ نشان داده شده است. تلاقی گیاهان والدی و خودگشتی بذور نسل اول آن‌ها به ترتیب در بهار و پاییز سال ۱۳۹۶ انجام شد.

برداری به روش اصلاحی شجره‌ای
 ۹) انتقال میوه‌های خودگشتن شده منتخب به آزمایشگاه، ارزیابی و گزینش بر اساس شاخص‌های کیفی میوه، و در نهایت جهت گزینش نهایی تفکیک یافته‌های متجاوز، ارزیابی صفات کمی بر اساس آنالیزهای چند متغیره انجام شد (نتایج منتشر نشده).
 ۱۰) ادامه این روند تا نسل F₆ و غربالگری مصنوعی لاین‌های منتخب پیشرفته در گلخانه و آزمایشگاه به قارچ‌های عامل پوسیدگی ذغالی و پوسیدگی آوندی ساقه و ریشه
 ۱۱) گزینش نهایی برترین لاین‌ها در نسل‌های پیشرفته
 ۱۲) گزینش لاین‌های والدی
 ۱۳) آزمون بررسی مقدماتی عملکرد و سازگاری‌های منطقه‌ای
 ۱۴) گزینش برترین لاین‌های والدی
 ۱۵) انجام تلاقی‌های والدی جهت تولید ارقام هیبرید F₁ داخلی
انتخاب مواد گیاهی و روش اصلاحی مورد استفاده
 برای تشکیل جمعیت مورد نیاز، رقم طالبی ساوه، توده بومی نسبتاً ناهمگن، با میوه گرد، خط دار، رنگ زمینه پوست نارنجی تا قهوه‌ای روشن، کاملاً مشبک و سفت با قابلیت حمل و نقل و ماندگاری بالا، گوشت سبز دارای بافت مطلوب، قند پایین (Ramezan *et al.*, 2020)، معطر، کمی دیررس (Bahrami Sirmandi, & Hasanzadeh, 2013)، سایه اندازی بالا، با توارث تک ژنی مغلوب برای کنترل خطوط و رگه‌های روی پوست میوه (Davis, 1970; Danin-Poleg *et al.*, 2002)، دارای شیارهای پوست میوه (Upadhyaya *et al.*, 2011)، شکل میوه‌ی گرد (Wall, 1967; Perin *et al.*, 2002)، ترک‌های مویی روی پوست میوه (Perin *et al.*, 2002)، تیپ رشد و فنوتیپ آشیانه پرنده‌ای (Gabillard & Pitrat, 1988) (Bird's nest) دارای



شکل ۱- میوه حاصل از خودگشنی بوته‌های والدی ساوه و گالیا و نسل F₂ آن‌ها،

Figure 1- Fruit obtained from self-pollination of Saveh and Galia parent plants and their F₂ generation,

دهی به بوته‌ها به صورت مقیاس رتبه‌ای (ترتیبی) انجام شد (Rizvi *et al.*, 2022). از نظر میزان رشد و گستردگی، با توجه به تنوع شدید موجود در جمعیت، بوته‌ها در ۵ سطح قرار گرفتند؛ به‌طوری که کوچکترین بوته‌ها در کلاس ۱ و بزرگترین بوته‌ها تحت عنوان بوته‌های علوفه‌ای در کلاس ۵ قرار گرفتند. از نظر فرم و شکل ظاهری، بوته‌ها در سه سطح (رونده و چسبیده به زمین شبیه به والد گالیا، کپه‌ای شبیه به والد ایرانی و حد واسط قرار داده شدند (Choudhary & Pandey, 2015; Yusuf *et al.*, 2022).

ارزیابی بوته‌ها از نظر شدت آلودگی بیماری‌های رایج و کنه

در این نسل به علت بزرگی و تنوع جمعیت امکان ارزیابی دقیق مقاومت به بیماری‌ها وجود نداشت ولی تنوع در میزان آلودگی افراد بویژه در مقایسه با والدین، کاملاً مشهود و فرصتی ارزشمند برای حذف ژنوتیپ‌های حساس و ضعیف با غربال طبیعی آن‌ها بود. بوته‌ها بر اساس امتیاز دهی چشمی نمره دهی رتبه‌ای (مقیاس ترتیبی) برای شدت آلودگی به بیماری‌های رایج و مهم (بوته‌میری، آلودگی به ویروس) و کنه تحت شرایط مزرعه، در چهار رده قرار گرفتند: از نظر بوته‌میری، بوته‌ها با ساقه‌های بدون علامت در رده ۱، آلودگی بافت ساقه کمتر از ۲۵ درصد در رده ۲، آلودگی بافت ساقه ۲۶ تا ۵۰ درصد در رده ۳ و آلودگی بیش از ۵۰ درصد (کاملاً تخریب شده) در رده ۴ قرار گرفتند (Perchepied & Pitrat, 2004) از نظر آلودگی ویروسی بوته‌ها با برگ‌های بدون علائم موزاییکی در کلاس ۱، بوته‌های با علائم خفیف روی

در اواخر پاییز بذور حاصل از نسل F₁ جمع‌آوری و در بهار سال بعد به عنوان یک جمعیت بزرگ در حال تفرق کشت داده شدند. برای این کار تعداد ۱۵۰۰ عدد بذر F₂ حاصل از تلاقی ساوه در گالیا به همراه بذور والدی و نسل اول آن‌ها در سینی نشا کشت و بعد از سه هفته با فاصله ۸۰ × ۱۷۰ سانتی‌متر به زمین مزرعه پژوهشی دانشکده فنی کشاورزی (پردیس ابوریحان) دانشگاه تهران، پاکدشت منتقل شدند. روش اصلاحی مورد نظر گزینش شجره‌ای بود (Pitrat *et al.*, 2008)، بنابراین از همان نسل F₂ بوته‌ها مورد ارزیابی و گزینش قرار گرفته و به منظور تولید بذور نسل F₃ همه بوته‌های نسل F₂ به همراه بوته‌های والدی خودگشن شدند. جهت خودگشنی بوته‌ها، یک روز قبل از شکوفایی گل‌ها (عصرها)، گل‌های نر و ماده جهت جلوگیری از ورود حشرات با سنجاق بسته شده و در صبح روز بعد تلقیح گل‌های به صورت دستی و کنترل شده انجام می‌گرفت (Sahil & Kumar, 2021)، این عمل برای سه گل روی هر بوته انجام می‌شد و بیش از ۴۵۰۰ گل خودگشن گردید. طی مراحل رشد ضمن انجام مراقبت‌های زراعی مرسوم، بوته‌ها از نظر صفات مهم مورفولوژی و مقاومت به بیماری، ویروس و کنه در شرایط طبیعی مزرعه ارزیابی و یادداشت برداری شدند. سپس در آزمایشگاه، میوه‌های خودگشن شده منتخب، براساس شاخص‌های کیفی میوه گزینش و ارزیابی شدند و در نهایت جهت گزینش نهایی تفکیک یافته‌های متجاوز، ارزیابی صفات کمی بر اساس آنالیزهای چند متغیره انجام شد (نتایج منتشر نشده). برای ارزیابی تمام صفات کیفی و ثبت مقاومت‌ها، نمره

برگ‌ها در کلاس ۲، بوته‌ها با علایم متوسط روی برگ‌ها در کلاس ۳ و بوته‌ها با علایم شدید روی برگ‌ها در کلاس ۴ قرار گرفتند (Gholizadeh-Nouri Nejad-Zarghani, 2016) Roshanagh & همچنین از نظر آلودگی به کنه تارتن دو نقطه‌ای، رده ۱ شامل بوته‌های بدون علائم، رده ۲ با آلودگی خفیف، رده ۳ با آلودگی متوسط و رده ۴ شامل بوته‌ها با آلودگی شدید بودند (Saadalla et al., 1990; Roy, 1997). تشخیص بوته‌های آلوده با استفاده از دفترچه راهنما صورت پذیرفت (Kurosky et al., 2017; Damicone et al., 2020)، بوته‌های مبتلا به بیماری، ویروس یا کنه که به ترتیب دارای نمره رتبه‌ای بالاتر از ۱ یا ۲ بودند به عنوان بوته‌های حساس یا با تحمل پایین از جمعیت حذف شدند. لازم به ذکر است ارزیابی مزرعه‌ای و طبیعی بوته‌ها به صورت امتیازدهی چشمی برای مقاومت به بیماری‌ها، ویروس‌ها و کنه هر چند روشی ارزشمند می‌باشد، با توجه به اینکه قویاً تحت تاثیر عوامل محیطی قرار دارد لزوماً "مقاومت ژنتیکی" را نشان نمی‌دهد. بنابراین انجام آزمون‌های غربالگری در شرایط گلخانه و آزمایشگاه برای تایید قطعیت مقاومت یا تحمل و نیز رصد ژن‌های مقاومت در صورت وجود، با استخراج DND در نسل بعد از غربالگری بر روی لاین‌های منتخب در نسل‌های پیشرفته ضرورت می‌نماید. ارزیابی صفات کیفی و کمی میوه‌ها پس از غربالگری بوته‌ها در شرایط طبیعی در مزرعه و گزینش میوه‌های خودگشن، مشخصات شجره‌ای بوته‌ها ثبت و میوه‌ها به آزمایشگاه انتقال یافتند. صفات کیفی میوه به شرح زیر و بر اساس مقیاس نمره‌دهی رتبه‌ای یا ترتیبی (جدول ۱)، شامل سفتی پوست میوه در سه سطح (نرم ۱، سفتی متوسط ۲ و خیلی سفت ۳)، رنگ پوست میوه در پنج سطح (سبز، سفید، کرمی، زرد و نارنجی)، شبکه‌بندی چوب پنبه‌ای روی پوست میوه در چهار سطح (صاف و بدون شبکه ۱، شبکه بندی کم و ضعیف ۲، شبکه بندی نسبتاً توسعه یافته ولی ناقص ۳ و دارای شبکه کامل و برجسته ۴)، وجود یا عدم وجود خط روی پوست میوه در سه سطح (بدون

خط ۱، خطوط کم‌رنگ ۲ و خطوط کاملاً مشخص ۳)، شیار روی پوست میوه در دو سطح (بدون شیار ۱ و شیاردار ۲)، رنگ گوشت میوه در چهار سطح (سفید، سبز کم رنگ، سبز و نارنجی)، سفتی گوشت میوه در سه سطح (نرم ۱، متوسط ۲ و سفت ۳)، آبدار بودن گوشت میوه در دو سطح (آبدار ۱ و کم آب ۲) (Robinson et al., 1995; Base, 2010; Yusuf et al., 2022). اندازه‌گیری شدند. در این بررسی 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 ترد و آبدار (با نمره ۱) گزینش شدند. صفات کمی میوه شامل طول میوه (فاصله بین نقاط ابتدا و انتهای بزرگترین خط کشیده شده درون میوه)، عرض میوه (بزرگترین خط عمود قابل رسم بر طول میوه)، شاخص شکل میوه (نسبت طول به عرض)، قطر حفره بذری (بیشترین میزان حفره‌ی داخلی میوه در جهت عمود بر محور اصلی)، ضخامت گوشت (میانگین ضخامت گوشت میوه از لبه پوست تا حفره بذری) بر حسب سانتی‌متر و بر اساس مقیاس نسبی و فاصله‌ای اندازه‌گیری و ثبت شد. تعداد میوه تشکیل شده و وزن متوسط میوه در هر بوته بر حسب گرم و مواد جامد محلول بر حسب درجه بریکس و با استفاده از رفرکتومتر دستی (Portable Refractometer TI-RBXooI8A-TRANS Instrumets- Chin) اندازه‌گیری شد (Ramezani et al., 2020).

تجزیه‌های آماری

پس از ارزیابی نهایی و ثبت مشخصات میوه و بوته، داده‌های هر نسل، نخست در نرم افزار اکسل وارد و با گزینه مینیمم و ماکزیمم داده‌های پرت شناسایی شد. جهت تهیه جداول کمینه و بیشینه P_1 ، P_2 ، F_1 ، F_2 ، VP_1 ، VP_2 ، VF_1 ، VF_2 و VE ، H_2b محاسبه شد که به ترتیب میانگین و واریانس داده‌ها برای والد ساوه، گالیا، نسل F_1 ، نسل F_2 ، واریانس محیطی و وراثت‌پذیری عمومی می‌باشند. همبستگی‌های فنوتیپی، تفکیک متجاوز برای صفات کمی، فراوانی

طرف دیگر قطر حفره بذری، ضخامت گوشت و روز تا رسیدن و برداشت میوه دارای میانگین نسل F_1 در حد واسط والدین و با گرایش به یکی از آن‌ها هستند. میانگین برخی صفات از قبیل عادت رشد رویشی، میزان شبکه پوست، سفتی پوست و گوشت نسبت به میانگین والدین بالاتر، برای صفاتی مانند میزان بیماری، ویروس، کنه، خط دار بودن این مقدار نسبت به میانگین والدین کمتر و برای فرم بوته و شیار دار بودن نسل F_1 با میانگین والدین برابر بود (جدول ۳).

وراثت‌پذیری عمومی برای سه صفت روز تا برداشت، مواد جامد محلول و ضخامت گوشت بسیار بالا بود. وزن میوه دارای وراثت‌پذیری متوسط و قطر حفره بذری، طول و عرض میوه دارای پتانسیل پایین برای انتقال به نتاج بودند. صفات با پتانسیل ژنتیکی بالا تنوع ژنتیکی بیشتری را باعث می‌شوند و کمتر تحت تأثیر شرایط محیطی می‌باشند و نرخ نسبی انتقال آن‌ها از والد به نتاج نیز بیشتر است. پایین بودن وراثت‌پذیری برخی صفات ممکن است به دلیل پلی‌ژنیک بودن آن‌ها و اهمیت تاثیر محیط و اثرات متقابل ژنوتیپ در محیط در بروز صفت باشد. انتظار می‌رود این صفات از میزان واریانس غالبیت کمتر و افزایشی بیشتری برخوردار باشند. مقدار وراثت‌پذیری تحت تاثیر شرایط محیطی در برگیرنده افراد تحت بررسی، جمعیت مورد مطالعه و نوع صفت بوده و در این جمعیت معین و مشخص به‌دست آمده است و بطور صد در صد قابل تعمیم به جمعیت‌های دیگر نیست. در سبزی میوه‌ای گوجه فرنگی نیز، مقدار بالای وراثت‌پذیری عمومی بین ۸۸ درصد تا ۹۲ درصد برای وزن میوه، طول میوه، تعداد حجره و بذر نیز ثبت شد (Foroud et al., 2021). ضمن این‌که در بررسی اجزای واریانس ژنتیکی، واریانس غیر افزایشی (غالبیت) نقش بیشتری در بروز صفات مورد بررسی داشت (Noori et al., 2022). ضرایب همبستگی صفات کمی در جمعیت SGF_2 بر اساس ضریب پیرسون (مبتنی بر کواریانس دو متغیر و انحراف معیار آن‌ها) در شکل (۲) ارائه شده است.

نسبی نیز محاسبه شد. واریانس‌ها و وراثت‌پذیری از طریق فرمول‌های زیر برآورد شد (Pistorale et al., 2008).

$$\text{رابطه (۱)} \quad VE = (VP1 + VP2)/2$$

$$\text{رابطه (۲)} \quad VP = VG + VE$$

$$\text{رابطه (۳)} \quad VF2 = VP$$

$$\text{رابطه (۴)} \quad H2B = \frac{VG}{VP}$$

برآوردهای منفی در محاسبه وراثت‌پذیری صفر در نظر گرفته شد (Robinson et al., 1995; Roy, 1997). مقادیر مورد انتظار نسل‌ها محاسبه و به کمک آزمون کای اسکور با مقادیر مشاهده شده مقایسه شد (Zhang et al., 2005).

ضرایب همبستگی فنوتیپی پیرسون مبتنی بر کواریانس دو متغیر و انحراف معیار آن‌ها تنظیم شده است که در مورد داده‌های کمی با مقیاس فاصله‌ای و نسبی استفاده شده است. این ضریب از طریق فرمول $R_{xy} = (\text{cov}_{(x,y)} / \sigma_x \sigma_y)$ محاسبه گردید. واریانس خطا با کمک ارقام والدی به دست آمد. به این ترتیب که واریانس درون رقم ساوه و گالیا محاسبه شد. رقم ساوه در این آزمایش لاین نسبتاً خالص در نظر گرفته شد اگرچه دارای تنوع نسبی نیز می‌باشد. و رقم گالیا یک رقم هیبرید تجاری است از این‌رو واریانس درون آن‌ها کاملاً محیطی است؛ بنابراین تخمینی از واریانس خطا خواهد بود. واریانس نسل F_2 به عنوان واریانس فنوتیپی V_p در نظر گرفته شد. به این ترتیب از تفاضل واریانس نسل F_2 و واریانس محیطی، واریانس ژنتیکی برای هر دو جمعیت به‌دست آمد.

نتایج و بحث

آماره‌های توصیفی و برآورد واریانس ژنتیکی صفات کمی و کیفی نسل‌ها

نتایج نشان داد کمترین و بیشترین مقدار هر یک از صفات ارزیابی شده در نسل F_2 از میانگین آن‌ها در والدین به ترتیب کمتر و بیشتر بود (جدول ۲). میانگین F_1 حاصل از تلاقی والدین برای وزن، طول، عرض و مواد جامد محلول میوه بیشتر از دو والد بوده است از

نتایج نشان داد وزن میوه به عنوان یکی از مهمترین اجزاء عملکرد با همه صفات کمی مورد سنجش بجز میزان قند میوه ارتباط مثبت و معنی داری داشت. بالاترین همبستگی بین وزن میوه با دو صفت طول (۰/۸۴۵) و عرض میوه (۰/۸۲۵) مشاهده شد است. Naroui-Rad و همکاران (2014) در پژوهشی پیرامون ارتباط میان صفات مرتبط با عملکرد در ۴۹ ژنوتیپ طالبی-خریژه نتیجه گرفتند که ارتباط مثبت و معنی داری بین عملکرد و وزن میوه و قطر گوشت وجود دارد. در ارتباط با صفات کیفی (شکل ۳) نتایج همبستگی اسپیرمن نشان داد بین شدت آلودگی بوته‌ها به ویروس و بوته‌میری در سطح ۱ درصد همبستگی مثبت وجود داشت یعنی با افزایش آلودگی‌های ویروسی و ضعیف شدن گیاه عوامل بیماری‌زای قارچی نیز بیشتر به گیاه حمله خواهد کرد. با افزایش میزان شبکه‌های پوست، خطوط و رگه‌ها بطور معنی داری کاهش و میزان سفتی پوست افزایش یافت. خطوط و رگه‌های پوست با عادت رشد رویشی بوته‌ها همبستگی مثبت و معنی دار داشت. شناخت همبستگی میان صفات به ویژه اجزاء عملکرد از ضرورت‌ها در ارتباط با توسعه کمی و کیفی محصولات باغبانی است و با بکارگیری آن‌ها می‌تواند کارایی به‌نژادی را در گزینش اولیه مواد گیاهی و کاهش اندازه جمعیت طی گزینش مفید باشد (Staub *et al.*, 1999).

جدول ۱- سطوح مقاومت به بیماری، ویروس و کنه و همچنین صفات کیفی مورد اندازه گیری به همراه سطح نمره دهی با استفاده از مقیاس ترتیبی (رتبه ای)

Table 1 - Levels of resistance to disease, virus and mites, as well as quality traits measured, along with scoring levels using an ordinal scale.

[illegible]

جدول ۲- میانگین، کمینه، بیشینه، واریانس، وراثت پذیری و تفکیک متجاوز صفات کمی والدین، F_1 و F_2 در تلاقی ساوه در گالیا (SGF_2)
Table 1- Mean, minimum, maximum, variance, inheritance and transgressive segregation of some quantitative traits of parental generation, F_1 and F_2 at Saveh×Galia (SGF_2)

SGF_2	وزن میوه (گرم) Weight	طول میوه (سانتی متر) Length	عرض میوه (سانتی متر) Width	شاخص شکل میوه Aspect ratio	قطر حفره بذری (سانتی متر) Cavity	ضخامت گوشت (سانتی متر) Flesh thickness	مواد جامد محلول (Brix) TSS	روز تا برداشت Harvest time
میانگین والد P_1 Average P_1 parent	1207.833	12.833	14.167	0.906	7.500	3.083	6.000	114.000
میانگین والد P_2 Average P_2 parent	1215.000	13.000	13.500	0.963	5.250	4.000	12.000	98.500
میانگین دو والد (P_1+P_2)/2	1211.417	12.9165	13.8335	0.9345	6.375	3.5415	۹	106.25
میانگین F_1 Average F_1	1553.917	13.742	14.650	0.938	6.650	3.917	12.367	103.154
میانگین F_2 Average F_2	1582.564	14.534	14.535	1.000	6.525	4.053	10.790	110.758
کمترین در جمعیت F_2 Minimum in the F_2 population	281.000	7.500	8.000	0.938	1.000	2.000	3.000	91.000
بیشترین در جمعیت F_2 Maximum in the F_2 population	3365.000	20.500	20.000	1.025	10.000	12.000	16.000	124.000
میانگین واریانس P_2 و P_1 (VE) P_1 Mean of variance P_2 and P_1	147982.683	1.433	2.483	0.321	0.863	0.071	0.400	0.250

P_1 = Saveh, P_2 = Cory, Galia type.

ادامه جدول ۲- میانگین، کمینه، بیشینه، واریانس، وراثت پذیری و تفکیک متجاوز صفات کمی والدین، F₁ و F₂ در تلاقی ساوه در گالیا (SGF₂)

Table 1 continued: Mean, minimum, maximum, variance, inheritance and transgressive segregation of some quantitative traits of parental generation, F₁ and F₂ at Saveh×Galia (SGF₂)

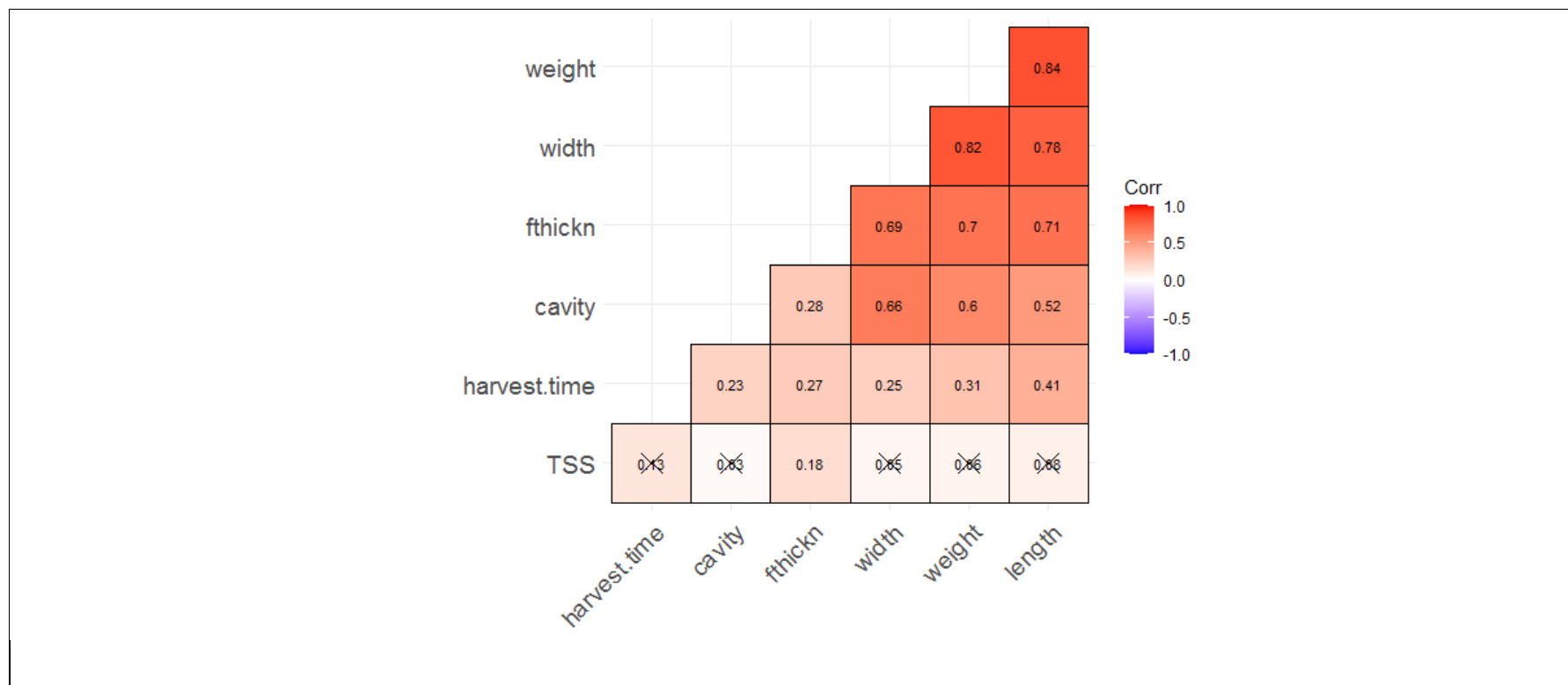
روز تا برداشت Harvest time	مواد جامد محلول (Brix) TSS	ضخامت گوشت (سانتی متر) Flesh thickness	قطر حفره بذری (سانتی متر) Cavity	شاخص شکل میوه Aspect ratio	عرض میوه (سانتی متر) Width	طول میوه (سانتی متر) Length	وزن میوه (گرم) Weight	SGF ₂
38.860	4.976	0.913	1.480	1.202	4.178	5.023	359879.086	واریانس (VP) F ₂ Variance (VP) F ₂
38.610	4.576	0.842	0.617	0.881	1.695	3.589	211896.403	واریانس G Variance G
0.994	0.920	0.922	0.417	0.733	0.406	0.715	0.589	وراثت پذیری عمومی (VG/Vp) General Inheritance (VG / Vp)
6.234	2.231	0.956	1.217	1.096	2.044	2.241	599.899	انحراف معیار فنوتیپی (SD)
10.000	4.000	8.000	2.500	0.062	5.833	7.500	2150.000	تفکیک متجاوز مثبت نسبت به والد برتر Positive transgressive segregation
-7.500	-3.000	-1.083	-4.250	0.032	-5.500	-5.333	-926.833	تفکیک متجاوز منفی Negative transgressive segregation

P₁= Saveh, P₂= Cory, Galia type

جدول ۳- میانگین، کمینه، بیشینه صفات کیفی والدین، نسل F₁ و F₂ در تلاقی ساوه در گالیا (SGF₂)Table 2- Mean, minimum, maximum of qualitative traits of parents, F₁ and F₂ generation at Saveh×Galia (SGF₂)

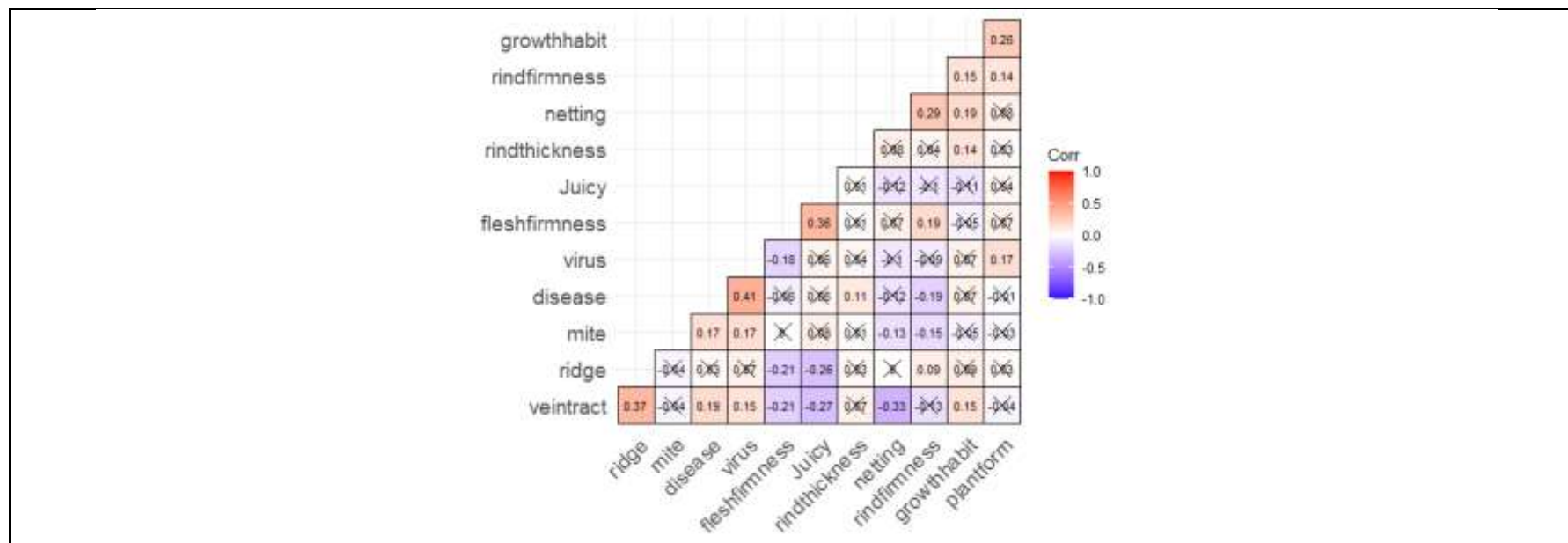
SGF ₂	عادت رشد بوته Growth habit	فرم بوته Plant form	آلودگی به بیماری Disease	آلودگی به ویروس Virus	آلودگی به کنه Mite	شبهه روی پوست Netting	خطدار بودن Vein tract	شیاردا ر بودن Ridge	سفتی بوست Rind firmness	ضخامت پوست Rind thickness	سفتی گوشت Flesh firmness
P ₁ میانگین والد Average P ₁ parent	3.000	3.000	0.667	1.333	1.500	4.000	3.000	2.000	2.833	1.000	1.667
P ₂ میانگین والد Average P ₂ parent	3.000	1.000	0.000	2.000	1.000	3.000	1.000	2.000	2.500	1.000	1.000
میانگین دو والد (P ₁ +P ₂)/2	3.000	2.000	0.3335	1.6665	1.250	3.500	2.000	2.000	2.6665	1.000	1.3335
F ₁ میانگین Average F ₁	3.692	2.000	0.308	0.462	0.923	4.000	1.385	2.000	2.769	1.000	1.385
F ₂ میانگین Average F ₂	3.193	1.628	0.307	1.053	1.382	3.444	2.230	1.907	2.535	1.093	1.205
کمترین در جمعیت F ₂ Minimum in the F ₂ population	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	1.000	1.000	1.000
بیشترین در جمعیت F ₂ Maximum in the F ₂ population	5.000	3.000	3.000	3.000	4.000	4.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000

P₁= Saveh, P₂= Cory, Galia type



شکل ۲- همبستگی پیرسون بین صفات کمی در جمعیت F_2 حاصل از تلاقی طالبی ساوه در گالیا

Figure 2- Pearson correlation between quantitative traits of cantaloupe at Saveh × Galia in F_2 population



شکل ۳- همبستگی اسپیرمن بین صفات کیفی در جمعیت F_2 حاصل از تلاقی طالبی ساوه در گالیا

Figure 3- Spearman correlation between cantaloupe qualitative traits at Saveh-Galia crossing

تفکیک متجاوز صفات کمی در جمعیت SGF2

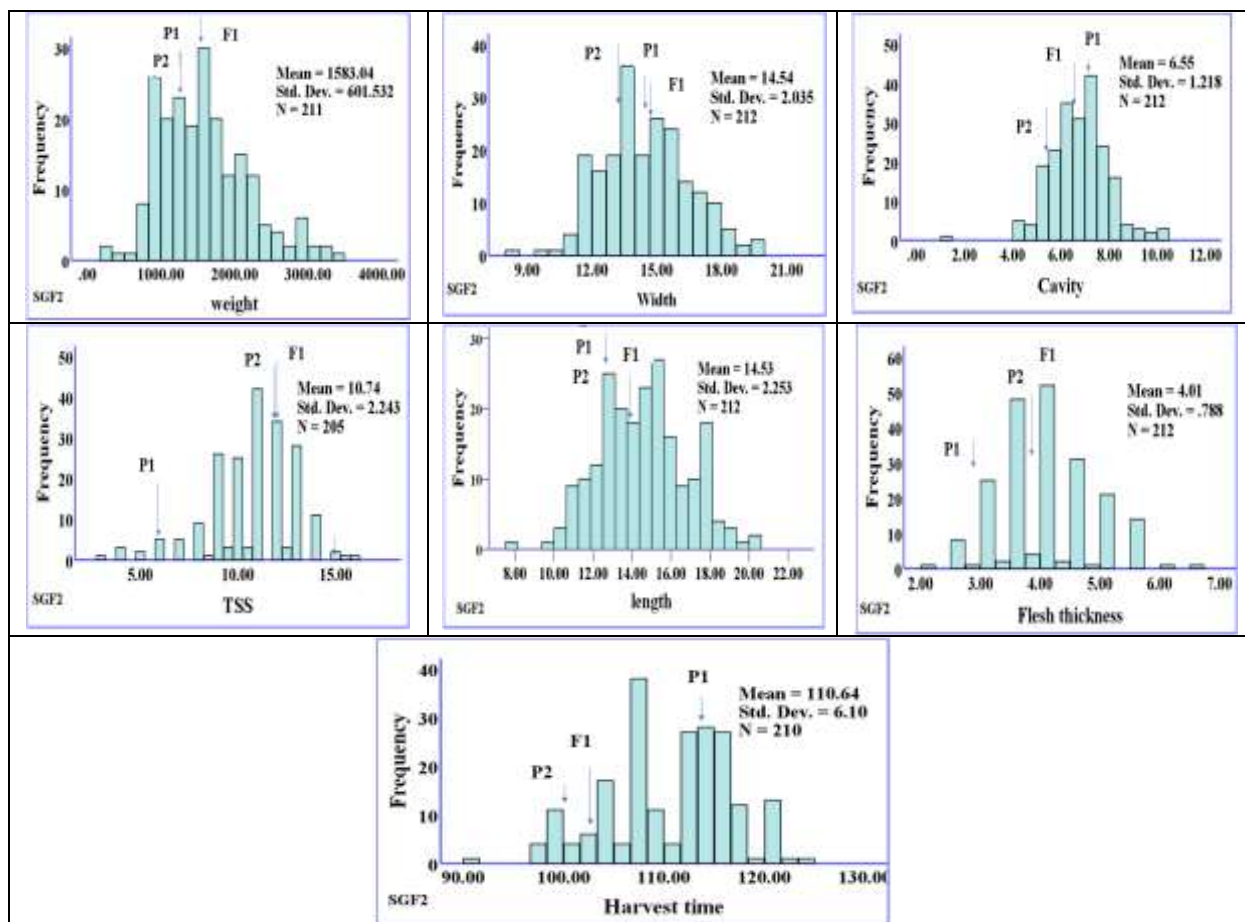
بطور کلی در نسل F2 برای همه صفات کمی مورد بحث، تفکیک متجاوز مثبت و منفی مشاهده شد. برای مواد جامد محلول، تاریخ رسیدگی، آلودگی های کنه و ویروسی پسروری ژنتیکی بیشتر، ولی برای بیماری، شبکه، شیارها، ضخامت و سفتی پوست میوه پسروری ژنتیکی کمتری، مشاهده شد؛ ضمن اینکه پسروری ژنتیکی منفی یا کاهش در قطر حفره بذری، تاریخ رسیدگی و آلودگی به امراض و آفات مفید و از نظر اهداف اصلاحی این پژوهش کارآمدتر می باشد و بررسی کلی این فنوتیپها از نظر سایر صفات، امکان گزینش مطلوب در آنها و سپس خودگشنی وجود دارد و می توان آنها را تثبیت کرد. وجود فنوتیپهای خارج از محدوده والدینی (پدیده تفکیک متجاوز) احتمالا ناشی از پلی ژنیک بودن صفت و عمل مکمل ژن ها می باشد. به نحوی که والدین آلل های متفاوتی را به منظور بیان یک صفت به اشتراک می گذارند (Rieseberg *et al*; 1999). به عبارت دیگر آلل های افزایش دهنده بروز صفت، نه تنها از والد برتر، بلکه از والد ضعیف تر نیز به آنها منتقل شده و به دلیل تجمع آلل های غالب با تأثیرات مشابه از لوکوس های مختلف به تولید این فنوتیپ های برتر از والدین منجر شده است (Saadalla *et al*; 1990; Base, 2010). تشخیص و گزینش فنوتیپ های تفکیک یافته برتر، امکان تثبیت آلل های مکمل و افزایش صفت و دستیابی به لاین های مطلوب نسبت به والدین را در نسل های پیشرفته امکان پذیر می سازد. بدیهی است که برای وقوع این پدیده، باید اثر ژن های کنترل کننده یک صفت در لوکوس های مختلف در هر تلاقی به صورت افزایشی باشد (Upadhyaya *et al*., 2011). شناسایی QTLs با اثرات افزایشی کوچک در ارتباط با صفات کمی این موضوع را تایید کرده است.

وزن، طول و عرض میوه

با توجه به نمودار فراوانی، بیش از ۳۰ درصد میوه ها دارای وزن ۱۴۰۰ تا ۱۵۵۰ گرم می باشند (شکل ۴)؛ که از لحاظ تجاری وزن مناسبی می باشد و گزینش از بین ژنوتیپ های برتر این گروه منطقی به نظر می رسد. بر اساس نتایج جدول ۲ میانگین این صفت در جمعیت F2 از والدین آن بیشتر است. همچنین، با توجه به پراکنش داده ها در اطراف والدین، پدیده تفکیک متجاوز در بیش از ۹۰ درصد از ژنوتیپ ها به وقوع پیوسته است. پدیده تفکیک متجاوز مثبت و منفی در ارتباط با طول میوه در بیش از ۸۸ درصد ژنوتیپ ها به وقوع پیوسته است. در ارتباط با عرض میوه ژنوتیپ های دسته ۱۴/۳ تا ۱۵/۳ سانتی متری بیش از ۳۸ درصد فراوانی دارند. بر اساس نتایج جدول ۲ و شکل ۴ پدیده تفکیک متجاوز نسبت به والد برتر و والد با ارزش کمتر در بیش از ۷۵ درصد بوته های F2 به وقوع پیوست.

قطر حفره بذری

نتایج نشان داد بیشترین فراوانی نسبی ژنوتیپ ها (بیش از ۲۵ درصد) در محدوده ۶ تا ۶/۵ سانتی متری از نظر قطر حفره بذری قرار دارد. بیشترین تمرکز ژنوتیپ ها با بیش از ۴۸ درصد مربوط به دسته ۵/۵ تا ۶/۵ سانتی متری می باشد. با توجه به پراکنش داده در اطراف والدین نزدیک به ۷ درصد از نتایج نسبت به والدین تفکیک مثبت و ۱۶ درصد تفکیک منفی داشتند که باید از بین آنها گزینش صورت پذیرد. نتایج نشان داد نقطه اوج این نمودار با ۴۵ درصد فراوانی متعلق به ژنوتیپ هایی است که در بازه ۷ تا ۷/۵ سانتی متری از نظر این صفت قرار دارند.



شکل ۴- نمودارهای فراوانی و پراکندگی ژنوتیپ‌ها براساس برخی صفات کمی در دو جمعیت NGF₂ و SGF₂

با تاکید بر جایگاه والدین و میانگین نسل F₁

Figure 4- Histogram and dispersion of genotypes based on some quantitative traits in NGF₂ and SGF₂ populations with emphasis on parental status and mean F₁ generation

نظر در دامنه ۱۱/۵ تا ۱۳/۵ قرار داشت. پراکنش داده‌ها در اطراف والدین نشان دهنده ظهور تنها ۱۵ درصد تفکیک می‌باشد که ۱۰ درصد نسبت به والد برتر نیز برتری داشتند (شکل ۴).

روز تا برداشت میوه

۴۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای تاریخ رسیدگی در بازه ۱۰۷ تا ۱۰۸ روز از زمان کاشت بودند (شکل ۴). نقطه تمرکز رسیدگی در فاصله روزهای ۱۱۲ تا ۱۱۶ روز از زمان کاشت بود که شامل بیش از ۵۷ درصد ژنوتیپ‌ها می‌باشد. پراکنش داده‌ها نشان دهنده وجود تقریباً یک درصد تفکیک متجاوز منفی مفید (زودرس‌تر از والد گالیا) و همچنین ۲۸ درصد تفکیک یافته دیررس‌تر از والد ساوه می‌باشد.

ضخامت گوشت میوه

بیشترین درصد فراوانی ژنوتیپ‌ها در بازه ۴/۱ تا ۴/۳۰ سانتی متر قرار داشت. بیش از ۶۰ درصد ژنوتیپ‌ها نسبت به والدین تفکیک متجاوز نشان دادند.

مواد جامد محلول میوه (TSS)

این ویژگی مبنایی برای سنجش قند میوه است که در کنار بافت و عطر و بو، مهمترین مولفه‌های کیفیت و طعم میوه را تشکیل می‌دهند. بر اساس نتایج، نقطه اوج نمودار این صفت با فراوانی ۴۴ درصد مربوط به ژنوتیپ‌های دامنه ۱۱/۵ تا ۱۲/۵ درجه بریکس می‌باشد. تمرکز ژنوتیپ‌ها از این

فراوانی ژنوتیپ‌ها بر اساس برخی صفات کیفی در والدین و نسل‌های SGF_1 و SGF_2

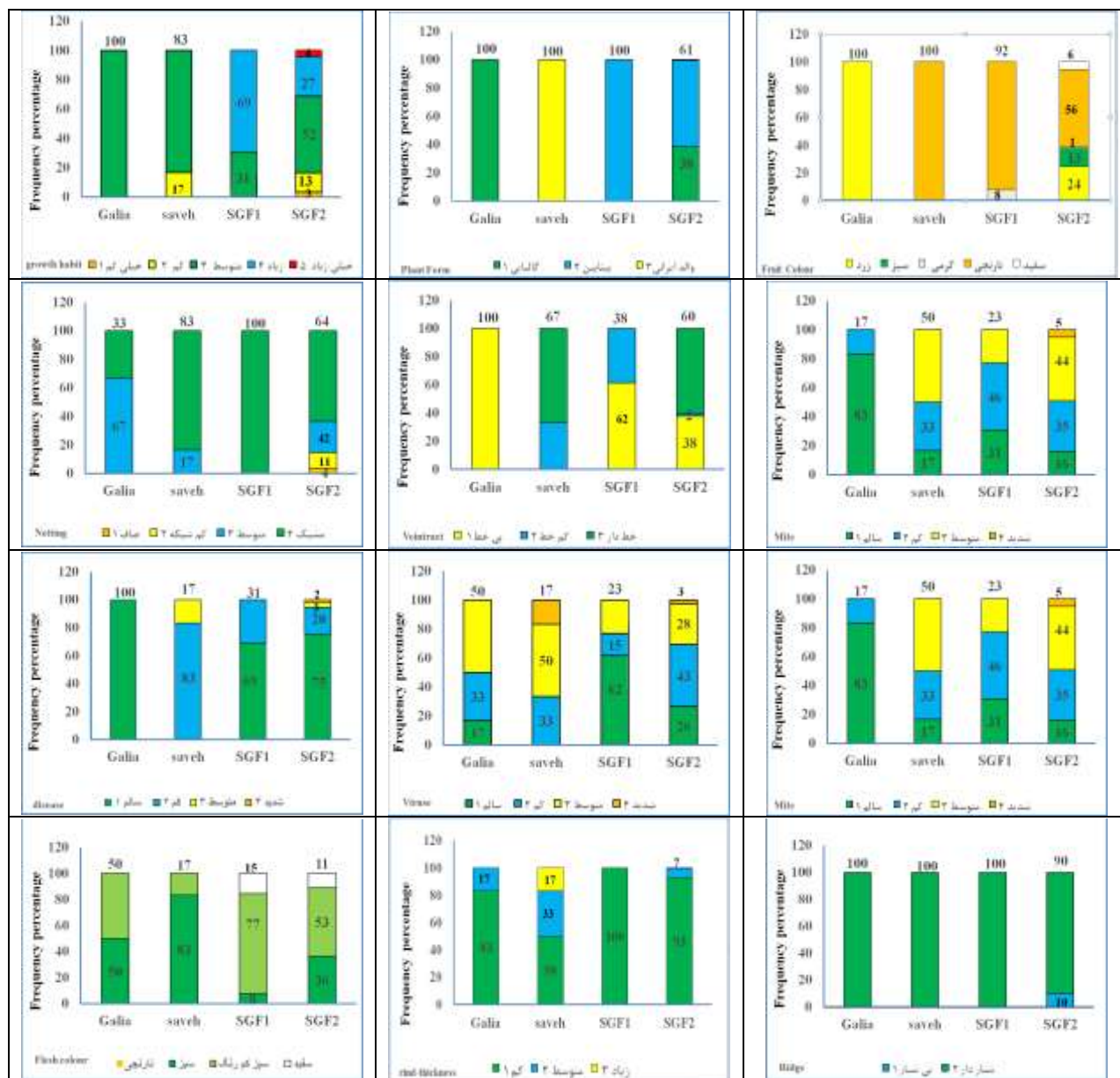
عادت رشد رویشی و فرم بوته

نتایج نشان داد گیاهان والدی ساوه دارای شاخ و برگ افراشته و حالت بوته‌ای دارند (شکل ۵)؛ ولی والد گالیا دارای حالت رونده با گستردگی متوسطی بودند. تقریباً ۷۰ درصد بوته‌های F_1 دارای گستردگی زیاد (کلاس ۴) و ۳۰ درصد دارای رشد رویشی متوسط بودند. در ارتباط با نسل F_2 ، نتایج نشان داد نزدیک به ۳ درصد بوته‌ها دارای رشد رویشی خیلی زیاد (کلاس ۵)، ۳ درصد با رشد رویشی خیلی کم و بیش از ۶۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای عادت رشد متوسط (کلاس ۳) بودند. در ارتباط با فرم بوته تمام بوته‌های نسل اول دارای حالت حد واسط و بیشتر شبیه والد ساوه (دارای ساقه بالارونده) بودند در جمعیت در حال تفرق SGF_2 ۶۱ درصد بوته‌ها دارای فرم حد واسط و ۳۹ درصد دارای فرم گالیایی بودند.

رنگ پوست و گوشت میوه

نتایج نشان داد ۵۶ درصد میوه‌های جمعیت F_2 دارای رنگ پوست زرد نارنجی، ۱ درصد کرمی، ۱۳ درصد سبز، ۲۴ درصد زرد و ۶ درصد سفید بودند (شکل ۵). همچنین اغلب ژنوتیپ‌های نسل F_2 دارای گوشت سبز بودند به طوری که ۵۳ درصد ژنوتیپ با گوشت سبز کمرنگ، ۳۶ درصد با گوشت سبز و ۱۱ درصد با گوشت سفید مشاهده شد. در این آزمایش والد خارجی گالیا دارای پوست میوه زرد رنگ و والد ساوه دارای رنگ پوست نارنجی بودند. رنگ پوست در ملون‌ها بر اساس ترکیب کلروفیل، کارتنوئید و نارینجین-چالکول (Naringenin-chalcone) مشخص می‌شود که کنترل و توارث اولیگوژنیک (Oligogenic) دارد. رنگدانه‌های فلاونوئیدی (Flavonoids) مسئول رنگ زرد میوه‌های بالغ در ملون رقم زرد قناری

می‌باشد (Tadmor *et al.*, 2010). تجمع نارینجین-چالکول (Naringenin-chalcone) به عنوان یک صفت غالب مونوژنیک (Monogenic) در تلاقی بین یک ملون پوست زرد و پوست سبز تیره به ارث می‌رسد و تجمع کلروفیل و کارتنوئید به طور مشترک به عنوان یک ژن غالب (Nca) مستقل از تجمع نارینجین-چالکول است (Tadmor *et al.*, 2010). از طرف دیگر ژن‌های کوچک اثر احتمالا تغییرات کمی تجمع این رنگدانه‌ها را کنترل می‌کنند؛ بنابراین در نتاج F_1 بیش از ۹۲ درصد میوه‌ها به رنگ نارنجی بودند ولی در جمعیت F_2 ، ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای رنگ پوست زرد شامل (زرد، زرد نارنجی و زرد کرمی) بودند. ظهور این نسبت‌ها در نسل F_2 با توجه به مکانیزم کنترل ژنتیکی این صفت دور از انتظار نبود. از طرف دیگر والدهای گالیا و ساوه دارای گوشت میوه سبز رنگ هستند و هیچکدام دارای گوشت نارنجی نبودند؛ ضمن اینکه مزوکارپ سبز (gf) و سفید (wf) نسبت به نارنجی مغلوب هستند و gf و wf اثر متقابل اپیستازی (Epistasis) دارند (CLayberg, 1992). از این‌رو هم در نسل F_1 (۸۳ درصد سبز پررنگ و ۱۷ درصد سبز کم رنگ) و هم در نسل F_2 میوه‌ها عمدتاً دارای گوشت سبز رنگ بودند و میوه‌های با گوشت نارنجی در آن‌ها مشاهده نشد.



شکل ۵- درصد فراوانی ژنوتیپ‌ها برای برخی صفات کیفی در نسل والدین، دو جمعیت SGF₁ و SGF₂
Figure 5- The frequency of genotypes based on some qualitative traits in the generation of parents, two populations SGF₁ and SGF₂

اینکه تک ژن غالب Rn، برای کنترل توسعه شبکه روی پوست، صرف نظر از درجه شبکه‌ای بودن، در لاین بیز (طالبی تجاری) و rn در PI 414723 (پوست صاف) گزارش شده است (Herman *et al.*, 2008). از این‌رو ظهور نسبت‌های ژنتیکی مندلی نزدیک ۳/۴ مشبک، در نسل تفکیک دور از انتظار نبود؛ بنابراین گزینش ژنوتیپ‌های هموزیگوس یا هتروزیگوس مشبک در نسل F₂ و تثبیت آن در نسل‌های بالاتر منجر به ایجاد لاین‌های کاملاً مشبک خواهد شد. همچنین با توجه به

شبکه، خطوط و رگه‌های روی پوست میوه بر اساس نتایج به دست آمده، ۸۳ درصد از میوه‌های والد ساوه و ۳۳ درصد از میوه‌های والد گالیا کاملاً مشبک و مابقی دارای شبکه متوسط بودند (شکل ۵). تمامی میوه‌های F₁ و همچنین ۶۴ درصد ژنوتیپ‌های F₂ کاملاً مشبک و نزدیک به ۲ درصد ژنوتیپ‌ها در این جمعیت دارای پوست صاف و بدون شبکه بودند. همچنین ۴۰ درصد ژنوتیپ‌های جمعیت F₂ بدون خط یا با خطوط کم‌رنگ و ۶۰ درصد خط دار مشاهده شدند. با توجه به

اینکه st-2 تک ژن مغلوب کنترل کننده خطوط و رگه-های روی پوست میوه می باشد (Herman *et al.*, 2008). و والد مادری گالیا بدون خط و والد پدری ساوه خط دار بودند در جمعیت F₁ همه بوته ها بدون خط یا دارای پوست با خطوط کمرنگ بودند ولی در نسل F₂ نسبت های مورد انتظار ۱/۴ و ۳/۴ در بوته های شمارش شده محقق نشد (Herman *et al.*, 2008). انحراف نسبت مشاهده شده از الگوی مندلی برای صفت خطدار بودن می تواند ناشی از عوامل مختلفی از جمله تأثیر ژن های تعدیل گر (Modifier genes)، اثرات اپیستازی یا حساسیت روش ارزیابی فنوتیپی در تشخیص دقیق صفت باشد که نیاز به بررسی های ژنتیکی دقیق تر در آینده دارد.

سفتی و ضخامت پوست میوه

نتایج نشان داد ۸۵ درصد بوته های نسل F₁ و ۶۳ درصد بوته های نسل F₂ دارای میوه های با پوست سفت بودند (شکل ۵). با توجه به نتایج، والد ساوه با ۸۳ درصد نسبت به گالیا (۶۷٪) دارای میوه های بیشتری با پوست سفت بود. در ارتباط با ضخامت پوست، نتایج نشان داد ۱۰۰ و ۹۳ درصد ژنوتیپ ها به ترتیب در جمعیت های F₁ و F₂ دارای میوه هایی با ضخامت پوست کم بودند. فراوانی نسبی از نوع ضخامت کم پوست میوه برای والد ساوه ۸۳ درصد و برای والد گالیا ۵۰ درصد بود (شکل ۵).

سفتی گوشت میوه

در نسل F₁ و نسل در حال تفکیک F₂ فراوانی نسبی بافت نرم میوه به ترتیب ۶۲ و ۸۳ درصد بود. ضمن اینکه سفتی بافت میوه در بوته های والد ساوه ۵۰ درصد و در گالیا تنها ۳۳ درصد برآورد شد. بوته های با سفتی بالای بافت در ۳۳ درصد میوه های والد گالیا مشاهده شد (شکل ۵).

شدت آلودگی بوته میری، ویروس و کنه

با توجه به نتایج تمام بوته های والد ساوه یا علائم بیماری را از خود نشان دادند؛ درحالی که تمامی بوته های والد گالیا سالم بودند و هیچ آلودگی نداشتند. در جمعیت های SGF₁ و SGF₂ به ترتیب نزدیک به ۷۰ و ۷۵ درصد بوته ها سالم بودند؛ بنابراین رقم ساوه حساسیت بالایی

نسبت به رقم گالیا از خود نشان داده است. به نظر می رسد این تحمل و مقاومت به نتاج حاصل از تلاقی منتقل شده است. در ارتباط با آلودگی ویروسی، ۱۷ درصد بوته های والد گالیا دارای فراوانی نسبی از نوع سالم بودند؛ در صورتی که تمامی بوته های والد ساوه به نحوی به انواع ویروس ها آلوده شده و حساسیت نشان دادند. ۶۲ درصد بوته های نسل F₁ هیچ گونه علائم آلودگی به ویروس نشان ندادند، در صورتیکه در جمعیت SGF₂، ۲۶ درصد ژنوتیپ ها سالم و بقیه دارای شدت آلودگی از نوع کم تا شدید بودند (شکل ۵). بنابراین به نظر می رسد تحمل به ویروس ها در رقم گالیا بالاتر از ارقام محلی ایرانی به ویژه رقم مورد سنجش یعنی ساوه می باشد و این تحمل همچنین در نتاج بیشتر از والد ساوه می باشد. در ارتباط با آلودگی به کنه، ۸۳ درصد بوته های والد گالیا به کنه آلوده نشده و از سلامت کامل برخوردار بودند؛ در صورتیکه میزان سلامت بوته ها در والد ساوه فقط ۱۷ درصد بود؛ البته قابل ذکر است اگرچه ارزیابی مقاومت به بیماری ها، ویروس ها و کنه " به صورت امتیازدهی چشمی در شرایط مزرعه " بوده است؛ و روشی ارزشمند می باشد، اما تحت تأثیر شدید عوامل محیطی نیز قرار دارد و "تحمل مزرعه ای" را نشان می دهد نه لزوماً "مقاومت ژنتیکی ثابت شده؛ از این رو "اگرچه ارزیابی میدانی مقاومت، ژنوتیپ های متحمل را به خوبی شناسایی کرده است، اما برای تأیید قطعی مکانیسم های مقاومت ژنتیکی، انجام آزمون های غربالگری مصنوعی تحت شرایط کنترل شده بر روی لاین های منتخب در آینده نیاز می باشد. البته مجریان این طرح و نویسندگان این مقاله نیز از ابتدا دقیقاً بر همین باور بودند و اعتقاد داشتند که بررسی مقاومت یا حساسیت ژنوتیپ ها و لاین های پیشرفته حاصل از تلاقی به برخی از قارچ های مهم و شایع عامل بوته میری طالبی و خربزه در منطقه ورامین - پاکدشت، قبل از رهاسازی ارقام هیبرید، ضروری بوده و باید به صورت مصنوعی در آزمایشگاه و گلخانه انجام شود تا علاوه بر بررسی حضور عوامل و ژن های کنترل کننده مقاومت و حساسیت، توارث پذیری آن ها نیز مشخص شود. در پایان با توجه به

کلی، در صفاتی با وراثت پذیری بالا، تأثیر واریانس ژنتیکی بیشتر از واریانس محیطی بود و در نتیجه

انتخاب رقم بر اساس این صفات در نسل های اولیه قابل اعتماد و موفقیت آمیزتر خواهد بود. از این رو بهتر است گزینش ژنوتیپ های برتر در جمعیت F_2 به ترتیب بر اساس زودرسی، ضخامت گوشت و مواد جامد محلول و وزن میوه (دارای بازده ژنتیکی بالا) صورت گیرد. در نسل F_2 تفکیک مثبت نسبت به والد برتر برای همه صفات و تفکیک منفی نسبت به والد با ارزش کمتر برای همه صفات به جز شاخص شکل میوه ثبت شد. در مجموع بوته های مطلوب زیادی در جمعیت F_2 یافت شدند که بذر حاصل از خودگشتی آن ها برای تولید خانواده های نسل سوم استفاده شده است و به صورت شجره ای جهت تولید لاین های خالص ارزیابی و مدیریت خواهند شد. لاین های به دست آمده می توانند برای تولید هیبریدهای تجاری استفاده شوند و یا به صورت مخلوط به عنوان رقم سنتتیک در اختیار کشاورز قرار گیرند.

سپاسگزاری

بدینوسیله از دانشجویان محترم کارشناسی گروه، آقای کورش حاجب و سرکار خانم اسدی و گودرزی بدلیل همکاری و کمک در انجام عملیات خودگشتی بوته ها و ثبت صفات کمی و کیفی میوه در آزمایشگاه صمیمانه سپاسگزاری می شود.

References

- Abbasi, Z. (2024). Multivariate analysis of qualitative and quantitative traits in bell pepper hybrid cultivars. *Journal of Vegetables Sciences*, 15(1), 153-168. <https://doi.org/10.22034/IUVS.2023.2002860.1288>
- Albertson, R. C. & Kocher, T. D. (2005). Genetic architecture sets limits on transgressive segregation in hybrid cichlid fishes. *Evolution*, 59(3), 686-690.2. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2005.tb01027.x>

نتایج کلی بدست آمده، به نظر مجریان طرح، متناسب با هدف گذاری ها و تلاش های انجام شده، برای دستیابی به این اهداف، نتایج بسیار خوبی در نسل F_2 حاصل شده است که امیدوارکننده می باشد. از جمله گزینش ۵۳ ژنوتیپ برتر یا (بوته برتر SGF_2)، و برداشت بذور SGF_3 آن ها برای کاشت در نسل F_3 و تشکیل جمعیت SGF_3 برای ادامه روند برنامه اصلاحی صورت گرفته است.

نتیجه گیری

با توجه به نقاط ضعف و قوتی که هر یک از والدین داشتند در جمعیت نسل F_2 حاصل از آن ها تنوع و نو ترکیبی زیاد با فنوتیپ های کاملاً مشخص و قابل تفکیک مشاهده شد و ژنوتیپ های با صفات مطلوب والدین تشخیص داده شد. توارث پذیری بالای برخی صفات کمی در نسل دوم حاصل از تلاقی والدین، در صورت خالص سازی و تثبیت صفات در نسل های بالاتر و پیشرفته، نویدبخش دستیابی به لاین های امید بخش و باارزش خواهد بود. میانگین نسل F_1 برای وزن، طول، عرض و مواد جامد محلول بیشتر از میانگین والدین بود بنابراین به نظر می رسد صفات مزبور بیشتر تحت تأثیر اثرات غالبیت ژن ها هستند. در جمعیت F_2 مواد جامد محلول، روز تا برداشت و ضخامت گوشت دارای وراثت پذیری عمومی بالا، وزن میوه دارای وراثت پذیری عمومی متوسط و قطر حفره بذری، طول و عرض میوه دارای پتانسیل پایین برای انتقال به نتاج بودند. به طور

- Bahrami Sirmandi, H. & Hasanzadeh, R. A. (2013). A complete and pictured guide of vegetable culture and breeding. *Sarva Publishers*, 244p. (In Persian). <https://doi.org/10.22059/ijhs.2019.268815.1534>
- Base, S. (2010). 9.4 procedures guide: statistical procedures. Cary, NC, *SAS Institute Inc.*
- Choudhary, B. R. & Pandey, S. (2015). DUS characterization of muskmelon (*Cucumis melo* L.) varieties. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 85(12), 1597-1601.

- <https://doi.org/10.56093/ijas.v85i12.54316>
- Clayberg, C. D. (1992). Interaction and linkage test of flesh color genes in *Cucumis melo* L. *Cucurbit Genetics Cooperative*, 15, 52:399-402. [cg15-18.html](https://doi.org/10.56093/ijas.v85i12.54316)[6/27/2018 2:51:49 PM]
- Coudriet D. L, Kishaba, A. N. & Bohn, G. W. (1981). Inheritance of resistance to muskmelon necrotic spot virus in a melon aphid-resistant breeding line of muskmelon. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 106, 789-791.
- 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*. E-929.
- Danin-Poleg, Y., Tadmor, Y., Tzuri, G., Reis, N., Hirschberg, J. & Katzir, N. (2002). Construction of a genetic map of melon with molecular markers and horticultural traits, and localization of genes associated with ZYMV resistance. *Euphytica*, 125, 373-384. <https://doi.org/10.1023/A:1016021926815>
- Dantas, A. C. de A., Ricarte, A. de O., Costa, J. M. d., Antônio, R. P., Tomaz, F. L. de S. and Nunes, G. H. de S. (2023). Genetic control of quality melon traits. *Ciência Rural, Santa Maria*, 53 (7), <http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20220089>
- Davis, R. M. (1970). Vein Tracts, Not Sutures, in Cantaloupe. *HortScience*, 5(2), 86-86.
- Ehdaie, B. (2008). *Plant breeding. (First Edition)*. University of Tehran Press, Iran, p.589.
- F.A.O. (2024). *FAOSTAT agricultural database*.
- Foroud, G. N., Mousavizadeh, S. J., Akbarpour, V. & Mashayekhi, K. (2021). Fruit heritability and the effect of pollen on fruit set of some tomato (*Solanum esculentum* Mill.) accessions. *Journal of Crop Breeding*, 13(39), 77-86. <https://doi.org/10.52547/jcb.13.39.77>
- Gabillard, D. & Pitrat, M. (1988). A fasciated mutant in *Cucumis melo*. *Cucurbit Genetics Cooperative*, 38, 16.
- Gholizadeh-Roshanagh, S. & Nouri Nejad-Zarghani, Sh. (2016). *Genetic diversity of three viruses of cucumber mosaic, watermelon mosaic and squash yellow mosaic in Varamine melon and cantaloupe fields*. MS. Thesis. Abu Reihan Campus. University of Tehran, Abu Reihan Campus.
- Hanifehee, M., Dehghani, H. & Chokan, R. (2015). Evaluation of diversity among some melon (*Cucumis melo*) accessions for resistance to Fusarium wilt based on biochemical enzyme activity. *Iranian Herbal Knowledge*, 46 (2), 191-205. <https://doi.org/10.22059/ijpps.2015.57375>
- Herman, R., Zvirin, Z., Kovalski, I., Freeman, S., Denisov, Y., Zuri, G., Katzir, N. & Perl-Treves, R. (2008). Characterization of *Fusarium Oxisporum* race 1.2 resistance in melon and mapping of a major QTL for this trait near a fruit netting locus. In M Pitrat ed, *Cucurbitaceae: Proceedings of the IXth Eucarpia Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae*, 149-156.
- Hiadlovská, Z., Bimova, B V., Mikula, O., Pialek, J. & Macholan, M. (2013). Transgressive segregation in a behavioral trait explorative strategy in two house mouse subspecies and their hybrids. *Biological Journal of the Linnean Society*, 108, 225-235. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2012.01997.x>.
- Jafari, A. A., Afkar, S., & Faraji, M. (2021). Genetic Diversity of Agropyron pectiniforme by Morphological Traits and RAPD Markers. *Iranian Journal of Plant Physiology*, 11(3), 3671-3682. <https://doi.org/10.30495/ijpp.2021.682500>
- Kameli, A. M., Kiani, GH. & Kazemitabar, s. k. (2020). Evaluating the phenotypic diversity of melongin genotypes (*Solanum melongena*). *Journal of Vegetables Sciences*, 3(6), 31-41.

- <https://doi.org/10.22034/iuvs.2020.114655.1071>
- Kolbehdari, D. (2018). *Plant breeding in the 21st century*. dkolbeh@gmail.com.
- Kurosky, K., Kuhn, K., Luton, J. & Rosenberg, S. (2017). *Field Guide to Cucurbit Diseases Reference Guide to Cucumber, Melon, Pumpkin and Watermelon Diseases*. Translation by Alizadeh, M. (1st ed). Miyad Andisheh Publication, 246.
- Lotfi, M., Kashi, A., Zamani, Z., Tabatabaei, B.E. & Earl, E.D. (2003). Efficient Haploid Plant Production for Pure Line Generation in Melon (*Cucumis melo* L.). *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 34(1), Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding, 510: 37-44. (in Persian).
- Marveldani, E. M., Nugroho, R.B. (2023). Genetic study of Rock Melon (*Cucumis Melo* L., var. *cantalupensis*): Fruit variability in segregating population and after selfing performance. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 55 (6) 1897-1909, <http://doi.org/10.54910/sabrao2023.55.6.4>
- Napolitano, M., Terzaroli, N., Kashyap, S., Russi, L., Jones-Evans, E. and Albertini, E. (2020). Exploring Heterosis in Melon (*Cucumis melo* L.). *Plants*, 282 (9), 19.
- Naroui-Rad, M.R., Koohkan, S., Fanaei, H.R. & Khajedad, M. (2014). Multivariate analysis to determine the relationship between phenological traits and yield components in native melon population (*Cucumis melo* L.). *Scientific Journal of Crop Science*, 3(5), 48-55. (In Persian). [doi: 10.14196/sjcs.v3i5.1370](https://doi.org/10.14196/sjcs.v3i5.1370)
- Noori, M., Motallebi Azar, A., Saidi, M., Panahandeh, J., & Fathi, S. (2022). Identification of Superior Parents and Hybrids of Tomato (*Solanum Lycopersicum* L.) Genotypes for Some Quantitative and Qualitative Traits of Fruit under Drought. *Journal of Crop Breeding*, 14(44), 33-45. <https://doi.org/20.1001.1.22286128.1401.14.44.3.0>
- Percepied, L. & Pitrat, M. (2004). Polygenic inheritance of partial resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* race 1.2 in melon. *Phytopathology*, 94(12), 1331-1336. <https://doi.org/10.1094/PHYTO.2004.94.12.1331>
- Perin, C., Hagen, L. S., Giovinnazzo, N., Besombes, D., Dogimont, C. & Pitrat, M. (2002). Genetic control of fruit shape acts before anthesis in melon (*Cucumis melo* L.). *Molecular Genetics and Genomics*. 266, 933-941. <https://doi.org/10.1007/s00438-001-0612-y>
- Pistorale, S. M., Abbott, L. A. & Andrés, A. (2008). Genetic diversity and broad sense heritability in tall wheatgrass (*Thinopyrum ponticum*). *International Journal of Agriculture and Natural Resources*, 35(3), 259-264.
- Pitrat, M., Besombes, D. & Pitrat, M. (2008). Inheritance of *Podosphaera xanthii* resistance in melon line '90625'. *Cucurbitaceae 2008. In: Proceedings of the IXth EUCARPIA meeting on genetics and breeding of Cucurbitaceae*. (Pitrat M, ed), INRA, Avignon (France), May 21-24th, 2008.
- Pouyesh, A.; Lotfi, M.; Ramshini, H.; Karami, E.; Shamsitabar, A.; Armiyoun, E. (2017). Genetic analysis of yield and fruit traits in cantaloupe cultivars. *Plant Breed* 2017, 136, 569-577. <https://doi.org/10.1111/pbr.12486> Digital Object Identifier (DOI)
- Ramezani, F., Ramshini, H., Lotfi, M., Mortazavian, S. M. M. & Pour-Mombeini, S. (2020). SNP marker-assisted selection for improving the sugar content in the cantaloupe. *Iranian Journal of Horticultural Science*, 51(1), 165-176. <https://doi.org/10.22059/ijhs.2019.268815.1534>
- Rieseberg, L. H., Archer, M. A. & Wayne, R.K. (1999). Transgressive segregation, adaptation and speciation. *Heredity*, 83(4), 363-372. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6886170>
- Risser G., Banihashemi, Z. & Davis, DW. (1976). Proposed nomenclature of

- Fusarium oxysporum f. sp. melonis* races and resistance genes in *Cucumis melo*. *Phytopathology*, 66(9), 1105.
- Risser, G. (1973). Étude de l'hérédité de la résistance du melon (*Cucumis melo*) aux races 1 et 2 de *Fusarium oxysporum f.sp. melonis*. In *Annales de l'Amélioration des Plantes*, 23, 259-263. <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-9-1180>
- Rizvi, A., Marker, S. & Bahadur, V. (2022). DUS Characterization in snap melon landraces of Vindhyan region of eastern UP India as per Muskmelon on PPV and FRA guidelines. *Plant Archives*, 22(2), 322-326. <https://doi.org/10.56093/ijas.v85i12.54316>
- Robinson, D.C., Comstock, R.E. & Harvey, P.H. 1955. Genetic variances in open-pollinated corn. *Genetics*, 40(1), 45-60. <https://doi.org/10.1093/genetics/40.1.45>
- 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. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1997.81.3.259>
- Saadalla, M.M., Shanahan, J.F. & Quick, J.S. (1990). Heat tolerance in winter wheat: I. hardening and genetic effects on membrane Thermostability. *Crop Science*, 30, 1243-1247. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1990.0011183X003000060017x>
- Sahil, R. N. & Kumar, S. (2021). Innovation in hybrid seed production of vegetable crops: A review. *The Pharma Innovation Journal*, 10 (7), 1270-1275.
- Shir-Ali, A. (2016). *Isolation and identification of fungi associated with crown and cantaloupe root rot in the southeast of Tehran province*. MS. Thesis. University of Tehran, Abu Reihan Campus.
- Soltani, F., Nouri, M., Shokrpour, M., Alabboud, M., Erban, A., Fehrel, I. & Kopka, J. (2023). Breeding of Persian melon: Purpose to increase volatile compounds in melon (*Cucumis melo*) intergroup F1 cross. *Plant Breeding*. 142 (3), 72-387. <https://doi.org/10.1111/pbr.13089>
- Sousaraei, N., Ramshini, H., Lotfi, M. & Sharzei, A. (2017). Marker-assisted backcrossing for introgression of *Fusarium* wilt resistance gene into melon. *Euphytica*, 214(7), 747. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-2080-4>
- Tadmor, Y., Burger, J., Yaakov, I., Feder, A., Libhaber, S. E., Portnoy, V., Meir, A., Tzuri, G., Sa'ar, U., Aharoni, I., Abeliovich, H., Schaffer, A. A., Lewinsohn, E. & Atzir, N. (2010). Genetics of flavonoid, carotenoid, and chlorophyll pigments in melon fruit rinds. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 58, 10722-10728. <https://doi.org/10.1021/jf047927t>
- Taghikhani, Sh., Ramshini, H., Sadat Noori, S. A., Lotfi, M., Izadi Darbandi, A. & Naghdi, MR. (2018). Marker-assisted selection using SCAR to develop *Fusarium (Fusarium oxysporum f.sp. melonis)* resistant melon. *New Genetics*. 12(3), 347-356.
- Upadhyaya, H. D., Sharma, S. & Gowda, C. L. L. (2011). Major genes with additive effects for seed size in Kabuli Chickpea (*Cicer arietinum L.*). *Journal of Genetics*, 90(3), 479-482.
- Virupakshi, H., Ratnakar, M. S., Raghavendra, G., Prashantha, A., Shivananda H., Mahantesha N. BN., Dadapeer, A. P. and Sandhyarani, N. (2022). Assessment of genetic variability for fruit yield and quality traits in F2 generation of intraspecific hybrids derived from muskmelon and Mangalore melon. *The Pharma Innovation Journal*. 11(12), 3121-3126.
- Wall, J. R. (1967). Correlated inheritance of sex expression and fruit shape in *Cucumis*. *Euphytica*, 16(2), 199-208.
- Yildirim, M., Mújde, K. O. Ç. & Barutcular, C. (2009). Membrane thermal stability at different developmental stages of spring wheat genotypes and their diallel cross populations. *Journal of Agricultural Sciences*, 15(04), 293-300.

https://doi.org/10.1501/Tarimbil_0000001103

- Yunusov, S Sadullayev, S., Khaitboyeva, G. and Sharipova, M. (2023). Selection of high-yielding, disease-resistant, promising, and export-oriented varieties of melons. E3S Web of Conferences 389, <https://doi.org/10.1051/e3sconf/202338903044>
- Yusuf, A. F., Wibowo, W. A. & Daryono, B. S. (2022). Genetic stability of melon (*Cucumis melo* L. cv. Meloni) based on inter-simple sequence repeat and phenotypic characteristics. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 23(6),

3042-3049.

<https://doi.org/10.13057/biodiv/d230631>

- Zalapa, J. E., Staub, J. E. & McCreight, J. D. (2007). Mapping and QTL analysis of plant architecture and fruit yield in melon. *Theoretical and Applied Genetics*, 114, 1185-1201.
- Zalapa, J. E., Staub, J. E. & McCreight, J. D. (2008). Variance component analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. *Euphytica*, 162(1), 129-143.
- Zhang, Y., Kang, M. S. & Lamkey, K.R. (2005). Diallel SAS 05: A comprehensive program for Griffing and Gardner-Eberhart analyses. *Agronomy Journal*, 97, 1097- 11