

ارتباط بین برخی صفات ریخت شناسی در ژنوتیپ‌های سیر (*Allium sativum*)

الهام باقرنژاد دیوکلانی^۱، محمدحسین فتوکیان^{۲*}

^۱ دانش آموخته کارشناسی ارشد ژنتیک و به نژادی گیاهی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی دانشگاه شاهد، تهران
^۲ دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه شاهد، تهران
*fotokian@shahed.ac.ir

چکیده

سیر (*Allium sativum*) دارای خواص درمانی متعددی است. گام اولیه در برنامه‌های اصلاحی، تعیین میزان تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسما گیاهی است. به منظور مطالعه تنوع ژنتیکی در سیر، ۱۸ ژنوتیپ از این گیاه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه پژوهشی دانشکده کشاورزی دانشگاه شاهد مورد ارزیابی قرار گرفت. صفات مورد مطالعه شامل طول کورم، قطر کورم، تعداد برگ، قطر ساقه، ارتفاع گیاه، شکل کورمچه، قطر کورمچه، طول کورمچه، تعداد کورمچه، وزن کورم، وزن بوته با اندام هوایی، شکل کورم بودند. تجزیه واریانس ساده در استفاده از کل داده به دلیل زیاد شدن خطای آزمایشی و عدم تاثیر تبدیل داده، به صورت ناپارامتریک انجام شد. در بررسی بین رتبه ژنوتیپ‌های سیر با آزمون کروسکال والیس، برای همه صفات به استثنای صفت شکل کورم تفاوت معنی دار مشاهده شد. در استفاده از میانگین نمونه تفاوت بین ژنوتیپ‌های سیر در همه صفات معنی دار نبود. نتایج همبستگی بین صفات در دو حالت استفاده از کل داده و میانگین نمونه متفاوت بود. بیشترین همبستگی مثبت در استفاده از کل داده بین وزن کورم و وزن بوته با اندام هوایی (**۰/۹۳*)، و در استفاده از میانگین نمونه بین قطر کورم و وزن کورم (**۰/۹۲*) برآورد شد.

کلمات کلیدی: کروسکال والیس، کورم، میانگین نمونه، همبستگی پیرسون

مقدمه

سیر گیاهی است که اهمیت ویژه‌ای را از لحاظ غذایی و دارویی در زندگی انسانها دارا بوده و براساس خصوصیات و اثرات متفاوت آن، به عنوان یک ماده غذایی بازدارنده از بیماری‌ها در نظر گرفته می‌شود (۱). سیر تنوع زیستی قابل توجه و همچنین ظرفیت انطباق محیطی و فنوتیپی را نشان می‌دهد، که منجر به تعداد زیادی از انواع ژنوتیپ‌های سیر گردیده است (۲). ظاهر مشابه و ظرافت فنوتیپی گونه‌های سیر که احتمالا وابسته به نوع خاک، رطوبت، عرض جغرافیایی، ارتفاع و شیوه‌های فرهنگی است، طبقه‌بندی ریختی آنها را مختل می‌کند (۳). تنوع ژنتیکی اساس اصلاح نباتات است که از تکامل طبیعی ناشی شده است و از اجزای مهم پایداری نظام‌های زیستی می‌باشد. ارزیابی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی برای برنامه‌های اصلاح نباتات و حفاظت از ذخایر توارثی کاربرد حیاتی دارد (۴). آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی به عنوان اجزای مهم پژوهش‌های اصلاح نباتات تلقی می‌شود. برای بررسی تنوع موجود و ایجاد تغییرات جدید، ارزیابی ذخایر ژرم‌پلاسما ضروری است. تنوع ژنتیکی به عنوان مهمترین عامل بقا موجودات از جمله گیاهان در برابر تغییرات شرایط محیطی و آفات است. آگاهی از میزان تنوع ذخایر توارثی و روابط ژنتیکی بین آنها یکی از نیازهای اولیه اصلاح گونه‌های گیاهی است (۵). هدف

از اجرای این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی برخی از ژنوتیپ‌های سیر کشور در منطقه جنوب تهران-دانشگاه شاهد بمنظور مطالعه سازگاری اولیه آنها و در صورت مناسب توسعه کشت سیر در منطقه می‌باشد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در آزمایش حاضر متشکل از ۱۷ ژنوتیپ سیر بومی ایران و یک ژنوتیپ تجاری بود. این پژوهش در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه شاهد تهران در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد بررسی قرار گرفتند. هر واحد آزمایشی شامل یک کرت ۴ مترمربعی بود که در آن فاصله بین کرت‌ها ۳۰ سانتی متر و فاصله بین بوته‌ها در هر ردیف ۱۰ سانتی متر و فاصله ردیف‌ها نیز ۱۰ سانتی متر در نظر گرفته شد. کشت کورمچه‌ها با دست انجام شد و عملیات داشت شامل مبارزه دستی با علف‌های هرز و آبیاری طبق عرف منطقه انجام شد. در عملیات داشت از کود شیمیایی و علف‌کش و آفت‌کش استفاده نشد. کورمچه‌های ژنوتیپ‌های سیر مورد استفاده در این تحقیق از کشاورزان و بازارهای محلی استان‌های مختلف ایران تهیه و به نام شهر محل جمع‌آوری نامگذاری شدند.

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های گندم مورد استفاده

شماره	نام ژنوتیپ	شماره	نام ژنوتیپ	شماره	نام ژنوتیپ
۱	هادی شهر	۷	طارم	۱۳	چین (تجاری)
۲	قزوین	۸	اصفهان	۱۴	بابل ۳
۳	همدان ۲	۹	جیرفت ۲	۱۵	بابل ۲
۴	رشت ۲	۱۰	ساری	۱۶	بابل ۱
۵	کیاشهر	۱۱	همدان ۱	۱۷	همدان ۳
۶	رشت ۱	۱۲	جیرفت ۱	۱۸	بهنمیر

در پایان فصل رشد، پس از رسیدگی کامل گیاه، تعداد پنج بوته از هر واحد آزمایشی به صورت تصادفی و با رعایت اثر حاشیه انتخاب و صفات مختلف ریخت شناسی شامل طول کورم، قطر کورم، شکل کورم، تعداد برگ، قطر ساقه، ارتفاع گیاه، طول کورمچه، قطر کورمچه، شکل کورمچه، تعداد کورمچه، وزن کورم، وزن بوته با اندام هوایی اندازه‌گیری شدند. شکل کورم از تقسیم طول کورم به قطر کورم و شکل کورمچه از تقسیم طول کورمچه به قطر کورمچه بدست آمد. اندازه‌گیری ارتفاع و طول با خط‌کش، قطرهای ساقه، کورم و کورمچه با کولیس، و وزن با ترازوی حساس انجام گرفت. برداشت بوته‌ها بعد از ۱۸۰ روز از کشت کورمچه‌ها به صورت دستی انجام گرفت. تجزیه و تحلیل آماری داده شامل تجزیه واریانس (آزمون F)، آزمون کروسکال والیس، همبستگی بین صفات (پیرسون) با نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۵ انجام گرفت. در حالت با نمونه (کل داده) در تجزیه واریانس برای صفاتی که خطای آزمایشی آنها (از طریق آزمون F) معنی‌دار شد، تجزیه واریانس از طریق آزمون ناپارامتریک کروسکال والیس (Kruskal wallis H) انجام گرفت.

نتایج

الف- تجزیه واریانس کل داده (با نمونه)

تفاوت بین رتبه ژنوتیپ‌های سیر مورد مطالعه برای همه صفات به استثنای شکل کورم در سطح احتمال ۵٪ و یا ۱٪ معنی‌دار بود (جدول ۱).

جدول ۱- نتایج آزمون کروسکال والیس در ژنوتیپ‌های سیر مورد مطالعه (کل داده یا داده با نمونه)

صفات	ارتفاع گیاه	قطر ساقه	تعداد برگ	قطر کورم	طول کورم	شکل کورم
مقدار کروسکال والیس (H)	۶۹**	۶۷**	۳۵**	۳۵**	۳۶**	۲۳ ^{ns}
صفات	وزن بوته با اندام هوایی	وزن کورم	تعداد کورمچه	طول کورمچه	قطر کورمچه	شکل کورمچه
مقدار کروسکال والیس (H)	۶۷**	۴۷**	۳۹**	۳۸**	۳۲*	۲۸*

***، **، *، ns: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪ و غیرمعنی‌دار.

ب- تجزیه واریانس با میانگین نمونه

بین ژنوتیپ‌های سیر در همه صفات مورد مطالعه تفاوت معنی‌داری مشاهده نگردید. تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده نشان داد که بیشترین و کمترین ضریب تغییرات به ترتیب مربوط به صفات وزن بوته با اندام هوایی (۲۹/۱۴ درصد) و طول کورم (۸/۱۷ درصد) بود. طول کورم کمترین ضریب تغییرات را نشان داد و یکنواختی بالایی از لحاظ صفت فوق درون هر ژنوتیپ مشاهده شد (جدول ۲).

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات در ژنوتیپ‌های سیر مورد مطالعه (با میانگین نمونه)

منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع گیاه	قطر ساقه	تعداد برگ	قطر کورم	طول کورم	شکل کورم	وزن کورم
تکرار	۲	۳۸/۵۴*	۱۳/۱۰**	۲/۲۰*	۲/۶۱**	۰/۱۹**	۰/۱۰**	۴۴۹/۰۵**
ژنوتیپ	۱۷	۵۸/۰۱ ^{ns}	۴/۵۶ ^{ns}	۱/۳۲ ^{ns}	۰/۲۰ ^{ns}	۰/۰۹ ^{ns}	۰/۰۰۶ ^{ns}	۶۸/۹۵ ^{ns}
خطای آزمایش	۳۴	۳۶/۶۲	۲/۷۶	۲/۰۱	۰/۲۳	۰/۰۷	۰/۰۰۸	۴۸/۹۹
ضریب تغییرات (%)		۱۳/۴۶	۱۷/۳۱	۱۶/۳۹	۱۲/۱۲	۸/۱۷	۱۰/۷۲	۲۷/۴۲

***، **، *، ns: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪ و غیرمعنی‌دار

ادامه جدول ۲- تجزیه واریانس صفات در ژنوتیپ‌های سیر مورد مطالعه (با میانگین نمونه)

منابع تغییرات	درجه آزادی	وزن بوته با اندام هوایی	تعداد کورمچه	طول کورمچه	قطر کورمچه	شکل کورمچه
تکرار	۲	۳۷۹/۲۴**	۳۰/۸۱**	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۲۳**	۰/۱۵**
ژنوتیپ	۱۷	۱۵۱/۵۳ ^{ns}	۵/۴۷ ^{ns}	۰/۰۶ ^{ns}	۰/۰۴ ^{ns}	۰/۰۲ ^{ns}
خطای آزمایش	۳۴	۷۵/۱۸	۳/۰۶	۰/۰۵	۰/۰۵	۰/۰۳
ضریب تغییرات (%)		۲۹/۱۴	۱۶/۳۳	۹/۶۲	۱۳/۸۳	۱۱/۷۳

***، **، *، ns: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و غیرمعنی‌دار

همبستگی بین صفات: در برآورد ضریب همبستگی پیرسون بین صفات، از کل داده (داده با نمونه) و از داده حاصل از میانگین نمونه استفاده شد (جدول ۳). در حالت استفاده از کل داده، بیشترین همبستگی مثبت بین وزن کورم و وزن بوته با اندام هوایی (۰/۹۳) و کمترین مقدار همبستگی مثبت بین شکل کورمچه و تعداد کورمچه (۰/۰۰۴) برآورد شد.

جدول ۳- ضرایب همبستگی پیرسون (کل داده زیر قطر اصلی و داده با میانگین نمونه در بالای قطر اصلی) بین صفات مورد مطالعه

صفات	ارتفاع گیاه	قطر ساقه	تعداد برگ	قطر کورم	طول کورم	شکل کورم	وزن بوته با اندام هوایی	وزن کورم	تعداد کورمچه	طول کورمچه	قطر کورمچه	شکل کورمچه
ارتفاع گیاه	۱	۰/۶۰**	-۰/۱۲	۰/۶۰**	۰/۳۴**	-۰/۴۷**	۰/۲۸*	۰/۵۱**	۰/۱۳	۰/۶۶**	۰/۴۱**	۰/۰۱
قطر ساقه	۰/۶۰**	۱	۰/۴۴**	۰/۶۲**	۰/۲۷*	-۰/۴۸**	۰/۶۹**	۰/۷۰**	۰/۴۷**	۰/۲۹*	۰/۶۰**	-۰/۵۰**
تعداد برگ	-۰/۰۲	۰/۳۲**	۱	۰/۱۲	۰/۱۳	-۰/۰۵	۰/۵۶**	۰/۳۰*	۰/۴۶**	-۰/۲۱	۰/۲۳	-۰/۵۱**
قطر کورم	۰/۴۱**	۰/۴۰**	۰/۱۴*	۱	۰/۵۲**	-۰/۷۶**	۰/۷۰**	۰/۹۲**	۰/۴۸**	۰/۶۷**	۰/۷۵**	-۰/۳۸**
طول کورم	۰/۲۱**	۰/۱۷**	۰/۱۸**	۰/۵۵**	۱	۰/۱۲	۰/۶۰**	۰/۶۲**	۰/۲۳	۰/۷۱**	۰/۵۹**	-۰/۱۴
شکل کورم	-۰/۲۶**	-۰/۲۷**	-۰/۰۲	-۰/۶۵**	۰/۲۴**	۱	-۰/۳۷**	-۰/۶۰**	-۰/۳۷**	-۰/۲۵	-۰/۴۳**	۰/۳۵**
وزن بوته با اندام هوایی	۰/۲۰**	۰/۴۵**	۰/۴۲**	۰/۷۵**	۰/۶۲**	-۰/۳۰**	۱	۰/۸۹**	۰/۶۵**	۰/۳۹**	۰/۷۶**	-۰/۶۱**
وزن کورم	۰/۳۳**	۰/۴۳**	۰/۲۵**	۰/۸۹**	۰/۶۳**	-۰/۴۳**	۰/۹۳**	۱	۰/۵۷**	۰/۶۲**	۰/۸۱**	-۰/۴۹**
تعداد کورمچه	۰/۰۸	۰/۲۵**	۰/۲۴**	۰/۴۰**	۰/۲۲**	-۰/۲۴**	۰/۴۸**	۰/۴۵**	۱	۰/۰۵	۰/۲۸*	-۰/۳۰*
طول کورمچه	۰/۳۸**	۰/۱۶**	-۰/۰۲	۰/۶۵**	۰/۶۵**	-۰/۱۷**	۰/۵۴**	۰/۶۷**	۰/۱۳*	۱	۰/۵۳**	۰/۱۴
قطر کورمچه	۰/۲۳**	۰/۳۶**	۰/۱۹**	۰/۶۴**	۰/۴۸**	-۰/۳۲**	۰/۶۴**	۰/۶۶**	۰/۰۵	۰/۵۱**	۱	-۰/۷۴**
شکل کورمچه	۰/۰۴	-۰/۲۹**	-۰/۲۷**	-۰/۲۴**	-۰/۰۱	۰/۲۷**	-۰/۳۲**	-۰/۲۴**	۰/۰۰۴	۰/۲۲**	-۰/۶۹**	۱

***: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱. ضرایب بدون ستاره معنی دار نیستند.

بیشترین و کمترین همبستگی منفی به ترتیب بین شکل کورمچه و قطر کورمچه (۰/۶۹-) و بین شکل کورمچه و طول کورم (۰/۰۱-) مشاهده شد. در استفاده از میانگین نمونه، بیشترین و کمترین همبستگی مثبت به ترتیب بین قطر کورم و وزن کورم (۰/۹۲) و بین شکل کورمچه با ارتفاع گیاه (۰/۰۱) برآورد شد. همچنین در این حالت بیشترین و کمترین همبستگی منفی به ترتیب بین شکل کورم و قطر کورم (۰/۷۶-) و بین شکل کورم با تعداد برگ (۰/۰۵-) برآورد گردید. در استفاده از کل نمونه تعداد ۸ ضریب و در استفاده از میانگین نمونه تعداد ۱۲ ضریب معنی دار نبودند. همبستگی بین تعداد برگ با صفات طول کورم و قطر کورم در کل داده معنی دار ولی در استفاده از میانگین داده معنی دار نبودند. همبستگی تعداد کورمچه با شکل کورمچه و قطر کورمچه در میانگین داده معنی دار ولی در کل داده معنی دار نبود. در دو حالت فوق هیچگونه تضادی از نظر منفی یا مثبت بودن ضرایب مشاهده نشد یعنی جهت همبستگی در هر دو حالت در مقایسه ضرایب متناظر، همسو بوده است. در مواردی هم تفاوت در سطح معنی داری مشاهده شد به عنوان مثال همبستگی بین قطر ساقه و طول کورمچه در کل داده در سطح احتمال ۰/۰۵ و در استفاده از میانگین داده در سطح احتمال ۰/۰۱ معنی دار بود. همبستگی بین متغیرها تحت تاثیر واریانس همزمان متغیرها (کوواریانس بین متغیرها) و واریانس خود متغیرها می باشد. استفاده از میانگین داده بجای خود داده خام چون بر میزان کوواریانس و واریانس متغیرها تاثیر متفاوت دارد باعث می شود که همبستگی بین متغیرها به صورت متفاوت برآورد شود (جدول ۳).

نتایج تجزیه واریانس در استفاده از کل داده و میانگین نمونه کاملا متفاوت بوده است. تفاوت بین ژنوتیپ‌های سیر مورد مطالعه در استفاده از آزمون کروستکال والیس برای همه صفت بجز شکل کورم معنی‌دار بود. با توجه به اینکه شکل کورم یک صفت ساختگی است و از تقسیم طول کورم به شکل کورم بدست می‌آید و تفاوت بین ژنوتیپ‌های سیر برای این دو صفت معنی‌دار بود ولی شکل کورم معنی‌دار نشد، نشان می‌دهد که شکل کورم یک صفت مستقلی است و تحت کنترل ژن (ها) می‌باشد. در استفاده از میانگین نمونه علیرغم اینکه دقت آزمایش برای همه صفات قابل قبول بود ولی تفاوت بین ژنوتیپ‌های سیر برای همه صفات غیرمعنی‌دار بود. تکثیر سیر به صورت غیرجنسی است و بنظر می‌رسد که ژنوتیپ‌های سیر در مکان‌های مختلف در اثر وارد شدن (Introduction) انتقال یافته‌اند و تفاوت بین آنها عمدتاً ناشی از موارد اپی‌ژنتیکی (Epigenetic) و محیطی می‌باشد. بخشی از علت عدم تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های سیر برای صفات مورد بررسی ناشی از عدم سازگاری ژنوتیپ‌ها با محیط مورد مطالعه باشد. خاک مزرعه مورد مطالعه لومی و کمی سنگین بوده و در ضمن در فصل بهار که زمان رشد اصلی بوته سیر است هوا با سرعت و به طور ناگهانی بویژه در اردیبهشت گرم می‌شود و باعث اختلال در سنتز کربوهیدرات و انتقال آن به کورمچه می‌گردد.

نتایج همبستگی بین صفات در استفاده از داده با میانگین نمونه نشان داد که قطر کورم با وزن کورم ($0/92^{**}$) بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار و صفت شکل کورم با قطر کورم ($0/76^{**}$) بیشترین همبستگی منفی و معنی‌دار را داشت. نتایج همبستگی داده‌های با نمونه‌گیری بین صفات مختلف نشان داد که صفت وزن کورم با وزن بوته با اندام هوایی ($0/93^{**}$) بیشترین همبستگی مثبت و معنی‌دار و صفت شکل کورمچه با قطر کورمچه ($-0/76^{**}$) بیشترین همبستگی منفی و معنی‌دار است. از نتایج این تحقیق ژنوتیپ‌های رشت ۱، رشت ۲، هادی‌شهر و اصفهان که از نظر ریخت‌شناسی و وزن کورم دارای سازگاری بیشتری نسبت به محل آزمایش بودند برای ادامه تحقیق انتخاب و در حال بررسی می‌باشند.

References

1. Torabi, A., Akbari, G., Tajli, A., 2018. The effect of organic and chemical fertilizers on some agronomic traits and qualitative characteristics of garlic. Iranian Journal of Horticultural Sciences. 49 (2): 429-442.
2. Egea, L. A., Mérida-García, R., Kilian, A., Hernandez, P., Dorado, G., 2017. Assessment of genetic diversity and structure of large garlic (*Allium sativum*) germplasm bank, by Diversity Arrays Technology "genotyping-by-sequencing" Platform (DArTseq). Front. Genet. 8:98.
3. Volk, A. G., Adam, D. H., Christopher, M. R., 2004. Genetic diversity among U.S. Garlic clones as detected using AFLP methods, National Center for Genetic Resources Preservation, U.S. Department of Agriculture.
4. Yaghoubi, A., Malekzadeh Shafaroodi, S., 2013. Genetic diversity of Iranian garlic (*Allium sativum*) based on cytogenetic and karyotypic characteristics. Modern Genetics. 8 (4): 411-422.
5. Behera, T. K., Gaikward, A. B., Singh, A. K., Staub, J. E., 2008. Relative efficiency of DNA markers (RAPD, ISSR and AFLP) in detecting genetic diversity of bitter melon (*Momordica charantia* L.). Journal of the Science of Food and Agriculture. 88: 733-737.



Relationship among some morphological traits in Garlic genotypes (*Allium sativum*)

Elham Baghernezhad Divkolaii, Mohammad Hossein Fotokian^{2*}

¹Graduated Master of Plant Genetics and Breeding, Department of Crop Science Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Shahed University

²Associate Professor, Department of Crop Science Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Shahed University
*fotokian@shahed.ac.ir

Abstract

Garlic (*Allium sativum*) has several health benefits. The first step in breeding programs is to determine the genetic diversity of the germplasm. In order to study the genetic diversity in garlic, 18 genotypes of this plant were evaluated in the form of a randomized complete block design with three replications on the research farm of Faculty of Agriculture-Shahed University. The studied traits included corm length, corm wide, corm shape, number of leaves, stem wide, plant height, cormlet length, cormlet wide, cormlet shape, number of cormlet, corm weight and Shoot weight. Simple variance analysis using whole data was performed non-parametrically due to increased experimental error and ineffectiveness of data transformation. A significant difference was observed among garlic genotypes for all traits except corm shape, using Kruskal Wallis test. In the case of using sample mean, the difference among garlic genotypes was not significant for all traits. The correlation results between the traits were different in the two cases of using the total data and the mean of the samples. The highest positive correlation was estimated between corm weight and plant weight with shoot (0.93**) in the case of total data, and between corm wide and corm weight (0.92**) in the case of the samples mean.

Keywords: Corm, Kruskal Wallis, Pearson's correlation, Samples mean