

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

علی اعلمی^۱، مسعود اصفهانی^۲، بابک عبدالهی مندولکانی^۳ و جواد مظفری^۴

بررسی تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما بادام زمینی با استفاده از صفات مورفولوژیکی.

()

(ICRISAT)

(/)

تاریخ دریافت: ۱۳۸۵/۶/۲۳

۱- عضو هیأت علمی دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

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

۳- دانشجوی دکتری، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

۴- عضو هیأت علمی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر

می باشد (Harch et al., 1997; Harch et al., 1996).
(Halbrook and Dong, 2005; Foundra et al., 2000).
هارچ و همکاران (Harch et al., 1997) با استفاده از
تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روی ۲۸ صفت مورفولوژیکی
در یک مجموعه ۴۲ تایی *Arachis duranesis*، پنج
صفت ارتفاع ساقه اصلی، طول برگچه انتهایی روی ساقه
اصلی، طول باریکه‌های بین شکم غلاف‌ها، عرض دانه و
واکنش به زنگ بادام را شناسایی کردند که بیشتر از
۶۱/۴ درصد از کل تنوع اولیه این مجموعه را توجیه
می‌کرد. فوندرای و همکاران (Foundra et al., 2000) با
استفاده از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی
روی داده‌های ۱۴ صفت مورفولوژیکی، تنوع ژنتیکی
یک جمعیت ۸۶ تایی بادام‌زمینی مربوط به ایکریسات را
مورد ارزیابی قرار دادند و گزارش نمودند که صفات
طول غلاف، تعداد دانه در غلاف، وزن غلاف و وزن
دانه، بیشترین اهمیت را در ارزیابی تنوع این جمعیت
داشتند، تجزیه خوشه‌ای به روش وارد نمونه‌های یاد شده
را به ۹ گروه متناسب کرد. اوپادهایا و همکاران
(Upadhyaya et al., 2003) با استفاده از ۱۴ صفت
مورفولوژیکی مندرج در دستورالعمل اندازه‌گیری و ثبت
صفات بادام‌زمینی، ژرم پلاسما بادام‌زمینی موجود در
انستیتو تحقیقات بین‌المللی گیاهان زراعی مناطق
گرمسیری نیمه خشک (ICRISAT) را مورد مطالعه قرار
داده و یک کلکسیون مرکزی را که نماینده کلکسیون
اولیه بود، تشکیل دادند و گزارش کردند که این
کلکسیون مرکزی دسترسی بهتر به منابع ژنتیکی و
ارزیابی مؤثر آن‌ها را به طور کارآمدتری میسر می‌سازد.
هالبروک و دانگ (Halbrook and Dong, 2005) با
استفاده از ۱۶ صفت مورفولوژیک، یک کلکسیون
مرکزی با ۱۱۲ نمونه، از یک کلکسیون اولیه بادام‌زمینی
آمریکا شامل ۸۳۱ نمونه، تهیه کردند و نشان دادند
که این کلکسیون برای شناسایی ژن‌های مقاومت
و ارزیابی و اندازه‌گیری صفات پرهزینه و مشکل
مفید است.

بادام‌زمینی (*Arachis hypogea*) از تیره پروانه‌آسا،
بزرگترین و مهم‌ترین زیررده از سه زیررده تیره بقولات
است. بادام‌زمینی یک گیاه روغنی مهم است که در ۹۶
کشور جهان کشت می‌شود. این گیاه بومی منطقه
آمریکای جنوب شرقی است که در صورت عدم
دسترسی به گوشت، می‌تواند بخش ارزشمندی از
پروتئین غذایی انسان را تأمین کند. جنس *Arachis* دارای
۷ گونه است که بومی آمریکای جنوبی بوده و تقریباً
همه آن‌ها دیپلوئید هستند. بادام زمینی ($2n=4x=40$)
گیاهی خودبارور و آلوتتراپلوئید است (ناصری، ۱۳۷۰).
علیرغم تنوع مورفولوژیکی بالا در ژرم پلاسما
بادام‌زمینی، این تنوع به اندازه کافی در برنامه‌های
اصلاحی بادام‌زمینی مورد استفاده قرار نگرفته است و
سیاری از ارقام زراعی موجود معمولاً بر پایه یک یا چند
والد مشترک تولید شده‌اند. این موضوع شاید
به علت عدم وجود اطلاعات کافی در مورد
صفات مورفولوژیکی و زراعی بادام‌زمینی باشد
(Badigannavar et al., 2002). بنابراین برای بهره‌برداری
از تنوع موجود در ژرم پلاسما بادام‌زمینی، ارزیابی صفات
مورفولوژیکی و زراعی آن ضروری است. ارزیابی تنوع
ژنتیکی و روابط خویشاوندی، ایجاد و توسعه
کلکسیون‌های مرکزی ژرم پلاسما برای ارزیابی بهتر منابع
ژنتیکی، افزایش کارآیی مجموعه‌های ژنتیکی در
برنامه‌های اصلاحی و تسهیل مدیریت ژرم پلاسما مفید
هستند (Dwivedi et al., 2001; Hilu and Stalker, 1995).
(Upadhaya et al., 2003; Badigannavar et al., 2002).
بر آورد روابط ژنتیکی و ارزیابی تنوع ژنتیکی بر مبنای
صفات مورفولوژیک، فیزیولوژیک و زراعی می‌تواند
برای سازماندهی ژرم پلاسما، گزینش والدین مناسب
برای دورگ‌گیری و تولید جمعیت‌های در حال تفرق
سودمند باشد. توسعه کلکسیون‌های مرکزی برای
شناسایی ژن‌های مفید و همچنین ارزیابی صفاتی که
اندازه‌گیری آن‌ها سخت و پرهزینه است، مؤثر

بررسی تنوع ژنتیکی جرم پلاسم بادام زمینی ...

ایران بود. این نمونه‌ها براساس تقسیم‌بندی انستیتو تحقیقات بین‌المللی گیاهان زراعی مناطق گرمسیری نیمه‌خشک^۱ (ICRISAT) به ۵ گروه مختلف A (متوسط رس، ویرجینیا بانچ)، B (متوسط رس، اسپانیش بانچ)، C (آجیلی)، D (مقاوم به خشکی) و E (زودرس) تقسیم شده بودند. همه‌ی نمونه‌های مورد مطالعه از نوع تیپ ایستاده بودند. مشخصات نمونه‌ها در جدول شماره یک ارائه شده است.

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

مواد گیاهی شامل کلیه نمونه‌های بادام‌زمینی موجود در جرم پلاسم بانک ژن گیاهی ملی

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی مورد آزمایش براساس تقسیم‌بندی ایکریسات

Table 1. Name of Peanut genotypes according to ICRISAT classification

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

(به عنوان شاهد) در سال زراعی ۱۳۸۱ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار کشت شدند. پس از شخم و دیسک زمین در بهار، مقدار ۷۰ کیلوگرم کود نیتروژن از منبع اوره و ۱۰۰ کیلوگرم کود فسفر از منبع سوپر فسفات تریپل در هکتار در مزرعه پخش شده و با دیسک‌زنی مجدد با خاک مخلوط شدند. خاک مزرعه به دلیل درصد بالای رس (حدود ۱۸ درصد)، با افزودن ماسه و کود حیوانی به صورت موضعی اصلاح

: با توجه به بررسی‌های به عمل آمده در بخش تحقیقات دانه‌های روغنی مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر، ایستگاه لشت نشاء گیلان، رقم NC2 با عملکرد ۲۵۸۰ کیلوگرم دانه در هکتار نسبت به سایر ارقام برتری نشان داده و به همین دلیل در حال حاضر به عنوان رقم غالب در استان گیلان کشت و کار می‌شود (احمدی، ۱۳۶۱ و ۱۳۶۲)، بر این اساس ۷۵ نمونه بادام‌زمینی از انواع مختلف آجیلی و روغنی دریافت شده از بانک ژن گیاهی ملی ایران همراه با رقم NC2

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

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

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

** : Significant at 1% probability level.

** : معنی دار در سطح احتمال یک درصد

Table 2: Continued

ادامه جدول ۲

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

** : Significant at 1% probability level.

** : معنی دار در سطح احتمال یک درصد

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

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

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

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

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

ns: No- significant

NS: غیرمعنی دار

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

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

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

نتایج همبستگی پیرسون بین صفات مورد مطالعه نشان داد که همبستگی مثبت و معنی‌داری ($P < 0.01$) بین عملکرد دانه با وزن غلاف در بوته ($r = 0.715^{**}$)، تعداد دانه در بوته ($r = 0.715^{**}$)، تعداد غلاف در بوته

($r = 0.608^{**}$) و وزن دانه ($r = 0.509^{**}$) وجود داشت. بین وزن دانه با طول دانه ($r = 0.77^{**}$) و عرض دانه ($r = 0.73^{**}$) ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی همبستگی مثبت و معنی‌داری وجود داشت (جدول ۳). تعداد غلاف در گیاه نیز با تعداد دانه در گیاه ($r = 0.94^{**}$) و وزن غلاف در گیاه ($r = 0.56^{**}$)، همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. همبستگی مثبت و معنی‌دار طول و عرض دانه با وزن دانه نشان داد که این صفات در ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی، عوامل تعیین‌کننده‌ای در عملکرد هستند و گزینش در جهت این دو صفت احتمالاً به بهبود عملکرد بادام‌زمینی کمک خواهد کرد. بین وزن دانه با طول غلاف ($r = 0.66^{**}$) و عرض غلاف ($r = 0.62^{**}$) نیز همبستگی مثبت و معنی‌داری مشاهده شد که از این دو صفت نیز می‌توان در کنار طول و عرض دانه به عنوان عوامل تعیین‌کننده عملکرد در بادام‌زمینی استفاده کرد. احتمالاً غلاف‌های بزرگتر فرصت رشد بیشتری به دانه‌ها داده و امکان تولید دانه‌های بزرگتری را فراهم می‌سازند. وزن دانه با تعداد دانه در گیاه و وزن غلاف همبستگی منفی معنی‌داری نشان داد. واریسای محمد و همکاران (Varisai-Muhammad et al., 1975) و سومرو و لاریک (Soomro and Larik, 1981) نشان داده بودند که عمدتاً صفات کمی مربوط به دانه مانند وزن و تعداد دانه با صفات مربوط به غلاف در بادام‌زمینی همبستگی دارند.

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

با بقیه ارقام یکسان بوده و علی‌رغم طبقه‌بندی آن‌ها در زمهری ارقام زودرس، هیچ‌گونه علائم زودرسی در این ارقام دیده نشد که این وضعیت می‌تواند بر روی بسیاری از خصوصیات مورفولوژیکی این گروه نیز تأثیرگذار باشد به طوری که تفاوتی با بقیه ارقام گروه‌های دیگر نداشته باشند. به نظر می‌رسد که پراکندگی بقیه ارقام در گروه‌های مختلف و عدم تمایز صددرصد آن‌ها نیز به علت شرایط رشدی منطقه مورد مطالعه (گیلان) بوده باشد. به عنوان مثال ژنوتیپ‌های گروه D از ارقام مقاوم به خشکی بودند که قادرند در شرایط تنش خشکی خصوصیات مقاومت به خشکی را بروز دهند، ولی در شرایط آب و هوایی گیلان، از بقیه ارقام گروه‌های دیگر قابل تفکیک نبودند.

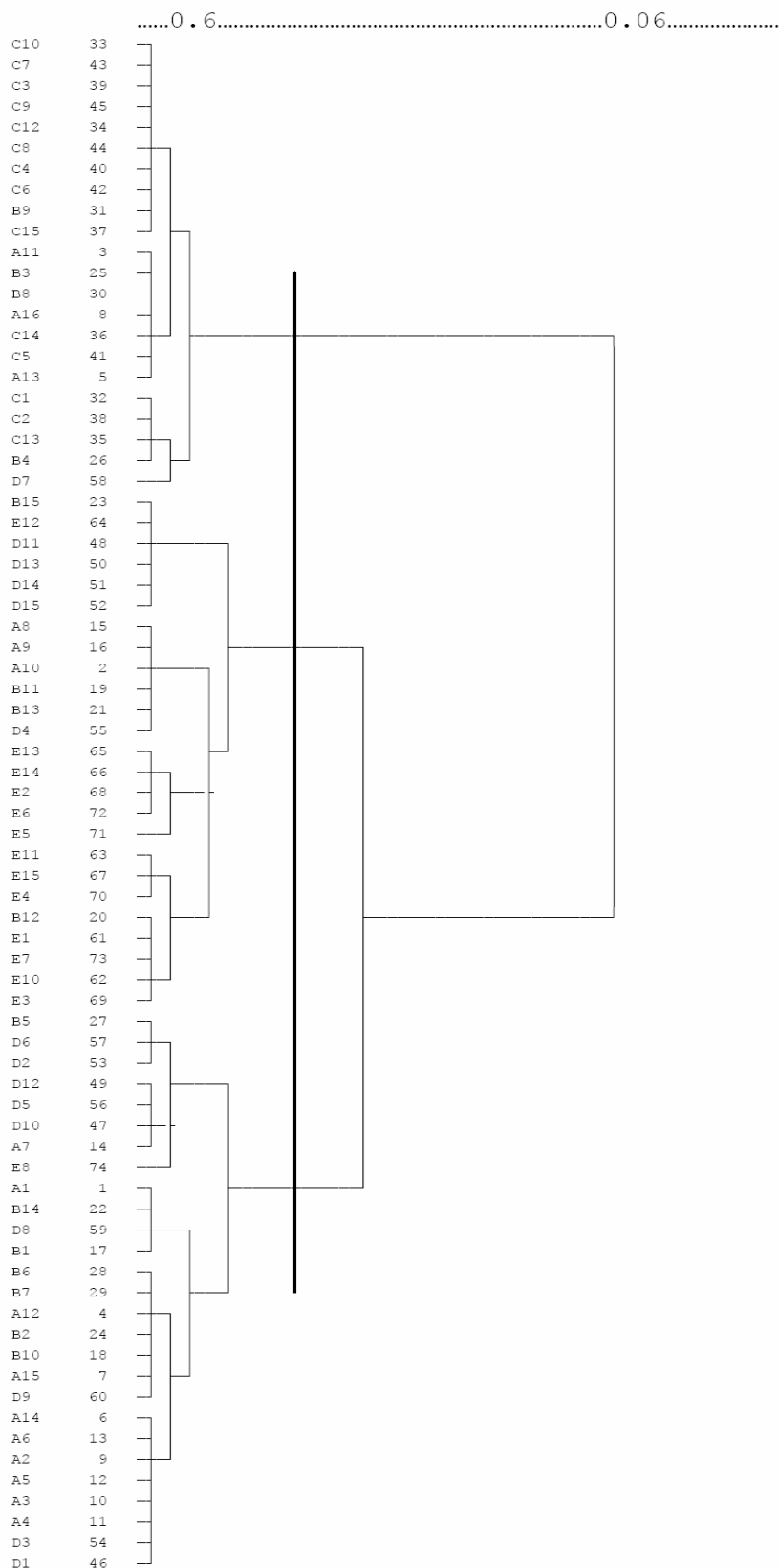
میانگین صفات کمی برای سه گروه در جدول ۴ آمده است. گروه‌های دوم و سوم نسبت به گروه اول برای بیشتر صفات میانگین مشابهی دارند.

میانگین تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی ۱۹ درصد بود که نسبتاً پایین به نظر می‌رسد و یکی از دلایل احتمالی آن می‌تواند خودباروری بادام‌زمینی باشد (Dwivedi et al., 2001). شاید گزینش در جهت صفات مطلوب اصلاحی نیز از دلایل دیگر باریک شدن اساس تنوع ژنتیکی نمونه‌های مورد مطالعه باشد که در تحقیقات مربوط به پیشگیری از اپیدمی برخی از بیماری‌های مهم بادام‌زمینی حتماً بایستی مورد توجه قرار گیرد. دوییدی و همکاران (Dwivedi et al., 2001) و همچنین بادیکاناور و همکاران (Badigannavar et al., 2002) نیز تنوع ژنتیکی نسبتاً پایینی را برای صفات مورفولوژیکی بادام‌زمینی گزارش کردند و گروه‌بندی چندان مشخصی را از دندروگرام حاصله به دست نیاوردند. بیشترین تشابه بین ژنوتیپ‌های C7 - C10، C3 - C7 و D5 - D12 بود. کلیه این ژنوتیپ‌ها از گروه‌های رشدی مشابه C و D بودند. تمامی نمونه‌های مربوط به گروه C در گروه اول و کلیه نمونه‌های مربوط به گروه D به جز D7 در گروه دوم و

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

تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش وارد مبتنی بر مجذور فاصله اقلیدسی، ارقام مورد مطالعه را به سه گروه منتسب کرد که بر این اساس به نظر می‌رسد نمونه‌های مورد آزمایش برای صفات مورد نظر از تنوع بالایی برخوردار نبوده‌اند (شکل ۱).

تجزیه خوشه‌ای با استفاده از صفات مهم مربوط به سه مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز نتایج مشابهی داشت که با توجه به معنی دار بودن ضریب همبستگی ۸۵ درصد بین ماتریس تشابه تمام صفات و ماتریس تشابه صفات مربوط به ۳ مؤلفه اول، به نظر می‌رسد که از این صفات نیز می‌توان به خوبی جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی استفاده کرد. گروه اول شامل ۲۲ نمونه، گروه دوم ۲۵ و گروه سوم ۲۷ نمونه بودند. گروه دوم و سوم تشابه بیشتری را به لحاظ میانگین صفات مورد مطالعه داشتند. هر کدام از گروه‌ها به زیر گروه‌هایی تقسیم شدند و در هر زیر گروه ژنوتیپ‌های مربوط به یک تیپ رشدی، در مجاورت هم قرار گرفتند. بیشترین پراکندگی و تنوع مربوط به ژنوتیپ‌های گروه A بود که در طول دندروگرام پخش شدند. تمامی ژنوتیپ‌های گروه E از لحاظ تیپ رشدی



شکل ۱- دندروگرام ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی مورد مطالعه بر اساس روش حداقل واریانس وارد

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

جدول ۴- میانگین صفات کمی ژنوتیپ‌های بادام‌زمینی در گروه‌ها

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

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

جهت دورگ‌گیری و اصلاح جمعیت یا به عنوان کاندیدهای والدی جهت تهیه جمعیت‌های در حال تفرق استفاده کرد. تکمیل نتایج آزمایش حاضر با داده‌های حاصل از آزمایش‌های مولکولی که در دست اجرا است، برای تفکیک و تمایز بهتر نمونه‌های موجود در ژرم پلاسما بادام‌زمینی و تعیین والدین مناسب برای برنامه‌های دورگ‌گیری ضروری است.

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

سوم که تشابه بیشتری داشتند جای گرفتند. به این ترتیب ضمن اینکه دو گروه C و D بیشترین فاصله را از یکدیگر دارند، به نظر می‌رسد که تقسیم‌بندی اولیه ژنوتیپ‌های این دو گروه نیز درست بوده است. ژنوتیپ D7 از لحاظ اکثر صفات مورفولوژیک، متفاوت از بقیه نمونه‌های گروه D بود که دلیلی بر گروه‌بندی جداگانه آن نسبت به سایر ژنوتیپ‌های گروه D است. کمترین تنوع در بین ژنوتیپ‌های گروه C مشاهده شد. احتمالاً با توجه به تشابه بالای نمونه‌های مذکور، ممکن است بیشتر نمونه‌ها تکراری باشند و بایستی از ژرم پلاسما حذف شوند. البته انجام آزمایش‌های تکمیلی جهت بررسی تکراری بودن این ارقام با استفاده از نشانگرهای مولکولی و یا اجرای آزمایش در شرایط آب و هوایی دیگر ضروری است. بیشترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های C6-E5 و C7-E5 وجود داشت، بنابراین احتمالاً از این ژنوتیپ‌ها بتوان در برنامه‌های به‌نژادی

References

- گزارش بررسی بادام‌زمینی، بخش دانه‌های روغنی. مؤسسه‌ی تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج.
- دانه‌های روغنی (ترجمه). انتشارات آستان قدس رضوی. ۸۲۳ صفحه.

- Badigannavar, A. M., D. M. Kale and G. S. S. Murty. 2002.** Genetic base and diversity in groundnut genotypes. *Plant Breeding*. 121: 348-355.
- Dwivedi, S. L., S. Gurtu, S. Chandra, W. Yuejin and S. N. Nigam. 2001.** Assessment of genetic diversity among selected groundnut germplasm. I: RAPD analysis. *Plant Breeding*. 120: 345-349.
- Foundra, M. Z., M. Hernandez, R. Lopez, L. Fernandez, A. Sanchez, J. Lopez and I. Ravelo. 2000.** Analysis of the variability in collected peanut (*Arachis hypogaea* L.) cultivars for the establishment of core collections. *PGR Newsletter*. 137: 9-13.
- Halbrook Corley, C. and W. Dong. 2005.** Development and evaluation of a minicore collection for the U.S. peanut germplasm collection. *Crop Sci*. 45: 1540-1544.
- Harch, B. D., K. E. Basford, I. H. DeLacy, P. K. Lawrence and A. Gruickshank. 1996.** Mixed data types and the use of pattern analysis on the Australian groundnut germplasm data. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 43: 363-367
- Harch, B. D., K. E. Basford, I. H. DeLacy and P. K. Lawrence. 1997.** The analysis of large scale data taken from the world groundnut (*Arachis hypogaea* L.) germplasm collection, I. Two-way quantitative data. *Euphytica*. 95: 27-38.
- Hilu, K. W. and H. T. Stalker. 1995.** Genetic relationships between peanut and wild species of *Arachis* sect. *Arachis*(*Fabacea*): Evidence from RAPDs. *Plant Systematic and Evolution*. 198: 167-178.
- Singh, K. A., P. Subrahmanyam and S. Gurtu. 1995.** Variation in a wild groundnut species, *Arachis duranensis*, Krapov. and W.C. Gregory. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 3: 135-142.
- Soomro, B. and A. S. Iarlik. 1981.** Inheritance and correlation of pod and seed characters in peanuts. *Genetica Agraria*. 35: 263-264.
- Upadhyaya, H. D., R. Ortiz, P. J. Bramel and S. Singh. 2003.** Development of a groundnut core collection using taxonomical, geographical and morphological descriptors. *Genetic resources and crop evolution*. 50: 139-148.
- Varisai-Muhammad, S., T. Ramanathan and M. Ramachandran. 1975.** Variation in pod weight of *Arachis hypogaea*. *Plant Breeding Abstracts*. 45: 378.

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

Aalami¹, A., M. Esfahani², B. Abdullahi Mandolakani³ and J. Mozaffari⁴

ABSTRACT

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

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

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

Received: September, 2006

1- Faculty member, Faculty of Agricultural Science, Guilan University, Rasht, Iran.

2- Faculty member, Faculty of Agricultural Science, Guilan University, Rasht, Iran. (Corresponding author)

3- Ph. D. Student, Faculty of Agriculture the University of Tehran/ Karaj, Iran.

4- Faculty member, Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, Iran.