



ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های منتخب هندوانه بذر آجیلی با استفاده از نشانگر مولکولی ریزماهواره و صفات مورفولوژیکی

فرشته هنری^۱، سعیدرضا وصال^۲، نادعلی بابائیان جلودار^۳ و نادعلی باقری^۴

۱، ۳ و ۴- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، استاد و استادیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

۲- استادیار، دانشگاه فردوسی مشهد، (نویسنده مسوول: vessalsr@gmail.com)

تاریخ پذیرش: ۹۴/۱۰/۱

تاریخ دریافت: ۹۳/۸/۲۹

چکیده

هندوانه بذر آجیلی یکی از محصولات مهم درآمدزا در مناطق دیم کاری استان‌های سه گانه خراسان به شمار می‌رود که تاکنون مطالعات چندانی در مورد آن انجام نشده است. در این پژوهش تنوع ژنتیکی بین پنج ژنوتیپ منتخب هندوانه بذر آجیلی به همراه یک رقم هندوانه تجاری (کریمستون سوییت) از طریق مطالعه صفات مورفولوژیکی و نیز با استفاده از ۱۰ آغازگر ریز ماهواره (SSR) مورد ارزیابی قرار گرفت. ۱۴ صفت مورفولوژیکی طی ۴۵ روز از دوره رشدی گیاه مورد ارزیابی و آنالیزهای آماری قرار گرفت. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی براساس داده‌های مورفولوژیکی، ژنوتیپ‌ها را در سه گروه مجزا تفکیک کرد. ژنوتیپ‌های C₁ و C₁₄ در یک گروه، C₈ و SW در گروه بعدی و C₂ و C₅ در گروه سوم قرار گرفتند. با تکثیر DNA ژنومی بوسیله آغازگرها و الکتروفورز محصولات حاصل، در مجموع ۷۶ آلل تولید شد که از میان آن‌ها، ۴۲ آلل چند شکل بودند. میانگین تعداد آلل‌های چند شکل به ازای هر مکان ژنی ۶ بود که در دامنه ۸-۲ قرار داشت. محتوای اطلاعات چند شکل (PIC) نیز بین ۰/۴۶ تا ۰/۸۵ متغیر بود. آنالیز خوشه‌ای براساس الگوریتم روش جفت گروه بدون وزن با میانگین حسابی (UPGMA) و ضریب تشابه جاکارد برای داده‌های مولکولی، ژنوتیپ‌ها را در سه خوشه اصلی قرار داد. دو ژنوتیپ C₂ و C₅ هر کدام در یک خوشه مجزا قرار گرفتند که گویای حداکثر تفاوت ژنتیکی آن‌ها با سایر ژنوتیپ‌ها است. در این دندروگرام ژنوتیپ‌های C₈ و C₁₄ از لحاظ ژنتیکی نزدیکی بالایی به هم داشتند. نمودار پراکنش ژنوتیپ‌ها براساس دو معیار تشابه جاکارد و ضریب همبستگی کوفنتیک نیز وجود تفاوت ژنتیکی قابل توجه بین ژنوتیپ‌های C₂ و C₅ را با سایر ژنوتیپ‌ها تأیید کرد. در مجموع داده‌های حاصل از این آزمایش بیانگر وجود تنوع قابل ملاحظه میان این ژنوتیپ‌ها از هر دو جنبه مورفولوژیکی و مولکولی بود که برای اهداف گزینش و به نژادی این محصول می‌تواند بسیار مهم باشد.

واژه‌های کلیدی: هندوانه بذر آجیلی، تنوع ژنتیکی، صفات مورفولوژیکی، ریزماهواره، تشابه جاکارد، ضریب همبستگی کوفنتیک

مقدمه

هندوانه با نام علمی *Citrullus lanatus* گیاهی دیپلوئید (2n=2x=22) از خانواده کدوئیان (*Cucurbitaceae*) است (۲۰). خاستگاه آن آفریقا بوده اما با سابقه کشت و کار بسیار طولانی در کشورهای آسیایی و در سراسر جهان نیز پراکنده شده است (۵). در انواع بذر آجیلی هندوانه، بذرها بو داده و به عنوان آجیل مصرف شده و از پوست میوه برای خوراک دام استفاده می‌شود. پوست آن حتی در کشورهای آفریقایی شور یا شیرین شده و توسط انسان استفاده می‌گردد (۲۰). میزان تولید جهانی هندوانه در سال ۲۰۱۱، حدود ۱۰۲ میلیون تن بوده که بیش از نیمی از آن در آسیا تولید شده است و ایران با تولید سالانه دو میلیون تن در رتبه چهارم جهانی قرار گرفته است (۶).

بذر آجیلی هندوانه با عنوان تخمه ژاپنی یکی از اجزای اصلی اکثر آجیل‌ها را تشکیل می‌دهد. بسیاری از افراد، متشاه آن را به خاطر نامش ژاپن می‌دانند، اما اولین بار در جابان (روستایی در منطقه دماوند) تولید شد و وجه تسمیه آن نیز نام این روستا است. این نام بعدها جهت راحتی تلفظ به ژاپنی تغییر یافته است. تخمه جابانی در واقع همان بذر هندوانه‌هایی موسوم به بذر-آجیلی است که برای استحصال بذر جهت

مصارف آجیلی و نیز پوست آن جهت خوراک دام کشت می‌شوند (۲). این نوع هندوانه یکی از محصولات درآمدزای دیم‌کاری‌های مناطق مختلف استان‌های سه‌گانه خراسان را تشکیل داده و در استان‌های جنوبی کشور نیز کشت می‌شود (۱۷). با این حال، آمار دقیقی از سطح زیر کشت این محصول در دسترس نیست.

تعیین میزان تنوع ژنتیکی در مواد گیاهی، گام اولیه برای شناسایی، حفظ و نگهداری ذخایر توارثی و نیز پایه اساسی برای تحقیقات ژنتیکی و برنامه‌های اصلاحی است (۲۶). اطلاع از میزان تنوع ژنتیکی در پدیده هتروزیس و تولید بذور هیبرید بسیار مهم و اساسی است (۱۶). ارزیابی سنتی تفاوت‌های ژنتیکی و مدیریت ژرم‌پلاسم عموماً بر پایه توصیف‌های مورفولوژیکی بوده که علاوه بر محدودیت، تحت تأثیر محیط نیز قرار می‌گیرند. بنابراین بکارگیری روش‌های قابل اطمینان برای شناسایی و بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌ها به عنوان راهکار مکمل، ضروری به نظر می‌رسد (۲۷).

نشانگرهای مولکولی (DNA) یکی از ابزارهای مورد اطمینان و فارغ از تأثیرات محیطی برای ارزیابی خویشاوندی ژنتیکی، انتخاب گیاهان برتر و نیز بررسی شباهت یا تفاوت بین نمونه‌های مختلف هستند (۲۵، ۱۳). در میان نشانگرها، بعد از

نشانگرهای مولکولی ریزماهواره و نیز بررسی‌های مورفولوژیکی مورد ارزیابی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

در این پژوهش از پنج ژنوتیپ منتخب هندوانه بذر آجیلی که طی مطالعات مورفوفیزیولوژیکی قبلی (داده‌ها در حال انتشار)، از اختلافات نسبتاً بیشتری با سایر ژنوتیپ‌ها برخوردار بوده‌اند، برای ارزیابی تنوع ژنتیکی از طریق مطالعه صفات مورفولوژیکی و مطالعات مولکولی با استفاده از آغازگرهای ریزماهواره استفاده شد. آزمایش در نیمه اول سال ۹۳ در مزرعه تحقیقاتی و آزمایشگاه بیوتکنولوژی پژوهشکده علوم گیاهی دانشگاه فردوسی مشهد به انجام رسید. قابل ذکر است که به دلیل بالا بودن درصد دگرگشتی در هندوانه، این ژنوتیپ‌ها برای حفظ تنوع موجود از قبل خودگشن شده بودند و از بذور خودگشن شده برای ارزیابی تنوع استفاده شد. یک رقم هندوانه تجاری (کریمستون سوییت) نیز برای مقایسه تفاوت بین هندوانه‌های خوراکی و بذر آجیلی به این پنج نمونه اضافه شد.

ژنوتیپ‌های منتخب در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار کشت شده و به لحاظ ویژگی‌های ظاهری طی ۴۵ روز پس از سبز شدن و برای ۱۴ صفت یادداشت‌برداری شدند. پارامترهای مورد مطالعه شامل طول برگ کوتیلدونتی، تعداد برگ‌ها در هفته‌های مختلف، تعداد ساقه‌های اصلی و فرعی در طی گذر زمان، تعداد گل‌های نر و ماده بر روی هرکدام از ساقه‌های اصلی و فرعی، تعداد گره‌های ساقه‌های اصلی و فرعی، محل ظهور اولین گل‌ها (شماره گره) و غیره بود.

به منظور بررسی‌های مولکولی نیز تعداد ۱۵ بذر از هر یک از ژنوتیپ‌های انتخابی جوانه‌دار شده و در پنج گلدان (تکرار) کشت و در شرایط گلخانه تا مرحله چهار برگی پرورش داده شدند.

استخراج DNA

استخراج DNA برای هر ژنوتیپ مطابق با مطالعات قبلی (۱۳) به صورت مخلوط انجام گرفت.

بدین صورت که برای هر کدام از ژنوتیپ‌ها، در مرحله ۲-۳ برگ از پنج تکرار، نمونه برگ‌ی تهیه شده و با سهم یکسان با هم مخلوط و آسیاب شدند. استخراج DNA به روش CTAB با اندکی تغییرات و با استفاده از آنزیم Rnase برای حذف RNA انجام شد.

پس از تعیین کمیت DNA استخراج شده بوسیله اسپکتروفوتومتر و نیز کیفیت آن با استفاده از ژل آگارز، غلظت آن برای استفاده در واکنش PCR در حد ۲۵ ng/μl تنظیم شد.

تکثیر ریزماهواره‌ها

برای تکثیر مکان‌های ریزماهواره از آغازگرهای SSR بکار رفته در مطالعه موجاجو و همکاران (۲۱) و آغازگر ASUW13 حاصل از مطالعه لوی و همکاران (۱۵) با

SNPها که برای مطالعه چندشکلی‌ها بسیار هزینه بردار می‌باشند، یکی از بهترین گزینه‌ها، ریزماهواره‌ها هستند (۲۷). این نشانگرها به دلیل قابلیت تغییر در تعداد واحدهای تکراری، بسیار چندشکل بوده و به همین علت به عنوان نشانگرهای مهم در نقشه یابی ژنتیکی استفاده می‌شوند (۱۲). از مزایای این نشانگر می‌توان به هم‌بارز بودن، قابلیت اعتماد بیشتر و تکرار پذیری نتایج آن اشاره کرد (۲۴).

طی سال‌های گذشته مطالعات متنوعی روی هندوانه خوراکی و سایر کدوئیان برای ارزیابی سطح تنوع موجود در نقاط مختلف کشور انجام گرفته است. یکی از آن‌ها در زمینه ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در هندوانه‌های بومی و خوراکی کشور است که در سال ۱۳۸۵ توسط کیانی و جهانبین با رویکرد بیومتری انجام شد. در این مطالعه با جمع‌آوری تعداد زیادی نمونه و انجام دسته‌بندی خوشه‌ای بر اساس صفات مورفولوژیکی، ژنوتیپ‌ها در ۸ دسته متمایز قرار گرفتند که بیانگر تنوع نسبتاً بالا بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود (۱۱). ناروتی‌راد و همکاران نیز با انجام مطالعه‌ای مشابه روی توده‌های محلی هندوانه سیستان و تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر صفات مورفولوژیکی، آنها را در چهار گروه متمایز دسته‌بندی کردند (۲۲).

البکای و همکاران (۴) هشت کولتوار جمع‌آوری شده هندوانه از مناطق خشک تونس را بر پایه صفات مورفولوژیکی میوه ارزیابی و آنها را در دو گروه مجزا تقسیم‌بندی کردند. مؤیدی نژاد و همکاران (۱۸) با مطالعه تنوع ژنتیکی برخی از توده‌های محلی طالبی ایرانی و خوشه‌بندی آن‌ها براساس ضریب نی (۲۳)، وجود تفاوت ژنتیکی قابل توجه میان طالبی‌های ایرانی و رقم‌های خارجی را اثبات کردند. در مطالعه تنوع ژنتیکی ۴۵ رقم هندوانه آمریکایی بوسیله ۲۵ آغازگر RAPD ۲۸۸ باند واضح و قابل تشخیص را تکثیر شد (۱۴).

در دو مطالعه جداگانه که برای آنالیز تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های هندوانه به کمک نشانگرهای ریزماهواره انجام گرفت اطلاعات حاصل از این نشانگرها برای ارزیابی تفاوت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها بسیار سودمند بود (۲۷، ۱۳). موجاجو و همکاران (۲۰) از نشانگرهای بارز RAPD و هم‌بارز SSR برای ارزیابی ژرمپلاسم هندوانه‌های آفریقایی استفاده کردند و با تلفیق اطلاعات حاصل از دو نشانگر، به اطلاعات دقیق‌تری دست یافتند. بالاتر بودن ارزش‌های بدست آمده برای نشانگرهای ریزماهواره در اغلب پارامترهای بدست آمده حاکی از کارایی بالای این نشانگرها در ارزیابی تنوع ژنتیکی است.

از آن‌جاکه تاکنون مطالعات متعدد صورت گرفته در زمینه تنوع مورفولوژیکی و نیز آزاد سازی در رقم‌های خوراکی و تجاری هندوانه متمرکز بوده است (۲۲، ۱۱، ۸) و تحقیقات با رویکرد پهن‌زادی بر روی نوع بذر آجیلی هندوانه با توجه به اهمیت آن بسیار اندک بوده است. لذا در این پژوهش تنوع ژنتیکی میان ژنوتیپ‌های منتخب هندوانه بذر آجیلی استان‌های خراسان و تعیین قرابت ژنتیکی بین آن‌ها با کمک

نتایج و بحث تنوع مورفولوژیکی

در بررسی تنوع مورفولوژیکی به کمک آنالیز جز اصلی، سه مؤلفه اول در مجموع ۸۰٪ درصد از تنوع کل موجود را توجیه نمود (جدول ۱). به منظور پرهیز از پیچیدگی و بروز نتایج منفی احتمالی، نمودار بای پلات برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه رسم شد (شکل ۱). در دیاگرام دو بعدی براساس مؤلفه اول و دوم، وکتورها مربوط به ژنوتیپ‌ها است. براساس این نمودار ژنوتیپ‌ها در سه گروه مشخص گروه بندی شدند. بطوری که دو ژنوتیپ C_1 و C_{14} در یک گروه قرار گرفت. دو ژنوتیپ C_8 و SW در گروه بعدی و ژنوتیپ‌های C_2 و C_5 نیز در گروه سوم واقع شدند (شکل ۱). صفاتی که در مؤلفه اول قرار گیرند بیشترین تأثیر را در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها به لحاظ ویژگی‌ها و صفات مورفولوژیکی خواهند داشت. واریانس تجمعی سه مؤلفه اصلی (اول) بیانگر میزان تغییراتی است که در میان داده‌ها قابل توجیه است که هرچه مقدار آن بالاتر باشد انجام آنالیز به مؤلفه‌های اصلی کارآمدتر بوده است (۲۱). بر این اساس در مطالعه حاضر، صفات اصلی توجیه‌کننده این تغییرات تعداد ساقه‌های فرعی در هفته ششم اندازه‌گیری و تعداد گل‌های ماده ظاهر شده روی ساقه اصلی بودند که در مؤلفه اول قرار گرفتند.

در مطالعه هو و همکاران (۸) تجزیه به مؤلفه‌ها توانست در مجموع ۷۳٪ از تغییرات کل را توجیه کند که در مقایسه با مطالعه حاضر سطح کمتری از تغییرات را توجیه کرده است. البکای و همکارانش (۴) نیز در مطالعه روی ارقام محلی جمع‌آوری شده هندوانه از مناطق خشک تونس برای بررسی تنوع صفات زراعی از روش PCA برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده کردند که استفاده از این روش در این مطالعه نیز همانند پژوهش حاضر بسیار کارآمد بوده و ۷۴/۶٪ از تغییرات کل را بازگو نمود و بر اساس آن ارقام محلی آنها به دو گروه مجزا تفکیک شدند.

تنوع مولکولی

در بخش بررسی تنوع مولکولی، با انتخاب مناسب، همه ۱۰ آغازگر SSR مورد استفاده در این پژوهش با موفقیت مکان‌های ژنی ریزماهواره را در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه تکثیر نمودند که حاکی از کارایی نشانگرهای انتخاب شده برای ژنوتیپ‌های مورد بررسی است (شکل ۴). با این حال، سه آغازگر P_1 ، P_7 و P_{10} نتوانستند باند چند شکل تولید کنند و به عبارت دیگر باند متمایزی برای آنها در بین ژنوتیپ‌ها مشاهده نشد.

در شش ژنوتیپ مورد مطالعه، در مجموع ۷۶ آلل بوسیله ۱۰ آغازگر تولید شد که از میان آنها، ۴۲ آلل چند شکل بودند. آغازگرهای P_1 و P_7 تنها یک باند تولید کردند که در تمام شش ژنوتیپ مورد مطالعه مشترک بود. آغازگر شماره ۱۰ (P_{10}) نیز با تولید ۱۲ باند اما مشترک میان تمام ژنوتیپ‌ها، نتوانست علی‌رغم تولید آلل‌های متعدد، در بررسی تنوع میان ژنوتیپ‌های مورد نظر مفید باشد.

بیشترین میزان چند شکلی مطابق با جدول ۲ برای ارزیابی تنوع استفاده شد. سنتر آغازگرها توسط شرکت ماکروژن کره جنوبی^۱ و به سفارش شرکت دنازیست^۲، واقع در دانشگاه فردوسی مشهد انجام شد.

انجام واکنش PCR

واکنش PCR با حجم ۱۰ میکرولیتر طبق توصیه موجهو و همکاران (۲۰) و با اندکی تغییرات شامل ۵ میکرولیتر مستر میکس رد^۳ ساخت شرکت آمپلیکون، ۲ میکرولیتر نمونه DNA با غلظت ۲۵ نانوگرم بر میکرولیتر، ۰/۳ میکرولیتر از هر یک از آغازگرهای پیش رو و برگردان و ۲/۴ میکرولیتر آب بدون نوکلئاز^۴ صورت گرفت. واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۴°C به مدت ۴ دقیقه و پس از آن ۳۵ چرخه شامل ۹۴°C به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال در دمای مناسب برای هر جفت آغازگر به مدت ۳۰ ثانیه (جدول ۲)، بسط در دمای ۷۲°C به مدت ۳۰ ثانیه و در پایان چرخه‌ها، بسط نهایی در دمای ۷۲°C به مدت ۷ دقیقه انجام گرفت.

الکتروفورز محصولات PCR

محصولات PCR طبق توصیه موجهو و همکاران (۱۸) در ژل آغاز ۲٪ به مدت ۲ ساعت با شدت جریان ۸۰ میلی آمپر الکتروفورز شدند. در هر چاهک به میزان ۵ میکرولیتر از محصول PCR به همراه ۳ میکرولیتر گرین ویور ۰/۵ درصد بکار رفت.

تجزیه و تحلیل داده‌های مورفولوژیکی

تجزیه واریانس برای شش صفت از مجموع ۱۴ صفت در سطح احتمال یک و پنج درصد معنی‌دار شد که این موضوع بیانگر وجود اختلاف معنی‌دار میان ژنوتیپ‌ها به لحاظ ظاهری است. آنالیز تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) به کمک نرم‌افزار Minitab ver.16 براساس صفات دارای تنوع در جدول تجزیه واریانس انجام و ژنوتیپ‌ها از طریق نمودار بای پلات دسته‌بندی شدند (شکل ۱).

تجزیه و تحلیل داده‌های مولکولی

به منظور شمارش باندهای مربوط به هر نشانگر، شماره‌گذاری از بالاترین و سنگین‌ترین باند به سمت پایین و سبک‌ترین باند انجام شد (۲۰). پس از شماره‌گذاری باندها، امتیازدهی به آنها براساس حضور باند (یک) و عدم حضور باند (صفر) صورت گرفت و داده‌های حاصل به وسیله نرم‌افزار NTSYS ver.2.02 مورد آنالیز قرار گرفت. براساس محاسبات، ضریب تشابه جاکارد و الگوریتم UPGMA به عنوان سازگارترین ضریب تشابه و الگوریتم خوشه‌بندی تعیین شد.

محتوای اطلاعات چند شکلی یا شاخص تنوع PIC برای هر جفت آغازگر بوسیله فرمول $PIC = 1 - \sum p_i^2$ ، (۳) محاسبه شد. در این فرمول P_i فراوانی آلل نام در یک مکان ریزماهواره است که برای n آلل بسط داده می‌شود.

درصد چند شکلی ژنوتیپ‌ها با استفاده از فرمول $PL = (PA/TA) \times 100$ محاسبه شد (۲۰)، که در آن، PL درصد چندشکلی، PA تعداد آلل‌های چند شکل و TA تعداد کل آلل‌های مشاهده شده برای هر ژنوتیپ است (جدول ۳).

1- MACROGEN Advancing through Genomics
3- Red master mix-Amplicon

2- DENA ZIST asia
4- Nuclease free water

جدول ۱- نتایج آنالیز تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA)

مؤلفه‌ها	مقادیر ویژه	واریانسی نسبی	واریانسی تجمعی
۱	۲/۷۴	۰/۴۰	۰/۴۰
۲	۱/۷۶	۰/۲۴	۰/۶۴
۳	۱/۰۳	۰/۱۵	۰/۸۰

(۰/۸۵) بود و کمترین میزان برای P_9 (۰/۴۶) مشاهده شد. میانگین محتوای اطلاعات چند شکل بین هفت آغازگر، ۰/۷۲ بدست آمد. در شش مورد محتوای اطلاعات چند شکل بزرگتر از ۰/۵ بود ($PIC > 0.5$) که این نشانگرها، جزو موارد مطلوب برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه دسته‌بندی شدند (۱۳). در مطالعه مواجو و همکاران (۲۰)، بالاترین میزان PIC (۰/۹۷) در بین آغازگرها، مربوط به آغازگر متناظر P_9 در این پژوهش بود، در صورتی که در بررسی حاضر، این نشانگر کمترین میزان PIC (۰/۴۶) را به خود اختصاص داد که نشان‌دهنده وجود تفاوت ژنتیکی قابل ملاحظه بین ژنوتیپ‌های مطالعه شده در دو پژوهش است.

رسم ماتریس تشابه جاکارد بوسیله نرم‌افزار NTSYS ver.2.02 برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان داد که بیشترین میزان شباهت و نزدیکی بین ژنوتیپ‌های C_8 و C_{14} (۰/۶۹) و کمترین میزان شباهت بین ژنوتیپ‌های C_1 و C_2 (۰/۱۷) وجود داشت. رقم هندوانه کریمستون سوییت نیز کمترین شباهت را با C_5 (۰/۱۱) و بیشترین شباهت و نزدیکی را با ژنوتیپ C_8 (۰/۵۰) نشان داد.

میانگین تعداد آلل‌های چند شکل در سایر آغازگرها، شش باند و در دامنه ۸-۲ آلل متغیر بود. محتوای اطلاعات چند شکل (PIC) آغازگرها که تابعی از تعداد و فراوانی آلل است (۱۲) در دامنه ۰/۸۵-۰/۴۶ قرار گرفت. در مطالعه ژانگ و همکاران (۲۶) که برای آنالیز تنوع ژنتیکی هندوانه از ۲۳ مارکر ریزماهوره استفاده شده بود، نیز میانگین تعداد آلل‌های چند شکل در دامنه ۲-۷ آلل قرار داشت و محتوای اطلاعات چند شکل از ۰/۴۵ تا ۰/۸۲ متغیر بود. همچنین در پژوهش مواجو و همکاران (۲۰) که ۹۰٪ آغازگرهای این پژوهش نیز از این منبع انتخاب شد، محتوای اطلاعات چند شکل در دامنه ۰/۹۷-۰/۳۹ قرار گرفت که نتایج هر دو پژوهش به نتایج بررسی حاضر بسیار نزدیک است که می‌تواند تأییدی بر کارایی نشانگرهای توصیه شده برای ارزیابی میزان تنوع ژنوتیپ‌های هندوانه در نقاط مختلف جهان می‌باشد. به دلیل تأیید مجدد این نشانگرها در مطالعه حاضر، به نظر می‌رسد که بتوان از این نشانگرها در برنامه‌های اصلاحی هندوانه برای گزینش غیرمستقیم به منظور بهبود و اصلاح صفات استفاده نمود (۷). بالاترین میزان PIC مشاهده شده مربوط به P_3

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای مورد استفاده

نام آغازگر	توالی آغازگر	موتیف SSR	دمای اتصال	تعداد آلل‌های مشاهده شده	تعداد آلل‌های چند شکل	محتوای اطلاعات چند شکل PIC^*
P2-F	AAGGCTGCAGAGACCATGAC	(AAG) ₅	۵۰	۷	۵	۰/۷۱
P2-R	GAACGGGCAAGAAGTAGTAA	(ATC) ₈	۵۶	۱۰	۸	۰/۸۵
P3-F	AATGTTAAGCAGTAAGCACATGG	(AAG) ₉	۵۵	۷	۷	۰/۷۶
P3-R	GTTAAGTGGAAAGAGGCCACA	(TG) ₈	۵۰	۹	۶	۰/۸۲
P4-F	GCATAAACCACCTGTGAGTGG	(AAG) ₉	۵۲	۸	۷	۰/۶۵
P4-R	CTTACTTTGCGTTTCGGTA	N_{69} (AT) ₂₆	۵۵	۷	۷	۰/۷۸
P5-F	GGAGTAGTGGTGGAGACATGG	(AAT) ₉	۴۹	۵	۲	۰/۴۶
P5-R	CTTCAAACGCTTCTCTTCTCCT	(AG) ₂₅				
P6-F	AATCTTCCCATGCGCAAAAC	(AAT) ₁₅				
P6-R	CTTCCCTCCCAAACTTCAG					
P8-F	TTCTGTITTCATGATTCTCCAC					
P8-R	GTTCAATTACCGAGGTAAGACT					
P9-F	TCAAATCCAACCAAAATATTGC					
P9-R	GCAACCCTACAAAGGAAGAG					

جدول ۳- درصد چند شکلی ژنوتیپ‌ها

ژنوتیپ	C_1	C_2	C_5	C_8	C_{14}	sw
کل آلل‌های مشاهده شده*	۴۵	۳۲	۳۱	۴۸	۴۶	۵۹
آلل‌های چند شکل	۲۰	۷	۷	۲۳	۲۰	۳۴
چند شکلی (%)	۴۴	۲۱	۲۲	۴۷	۴۳	۵۷

*: تعداد کل آلل‌های حاصل برای هر ژنوتیپ بوسیله ۱۰ آغازگر مورد استفاده

در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از نرم‌افزار NTSYS ver.2.02 و براساس الگوریتم UPGMA و ضریب تشابه جاکارد (شکل ۲) ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند. گروه اول و دوم به صورت تک شاخه و به ترتیب شامل ژنوتیپ‌های C_5 و C_2 بود. اما گروه سوم ابتدا به دو زیر شاخه a و b تقسیم شد. زیر شاخه a نیز به ژنوتیپ SW ختم شد، اما زیر شاخه b

درصد چندشکلی رقم هندوانه کریمستون سوییت (SW) بوسیله آغازگرهای مورد استفاده بیشتر از سایر ژنوتیپ‌ها (۵۷٪) بوده است. که می‌تواند به دلیل طراحی اولیه این پرایمرها برای ژنوتیپ‌های هندوانه شیرین باشد (۹). با این حال، این آغازگرها در بررسی تنوع ژنوتیپ‌های بذر آجیلی در این آزمایش نیز بسیار کارآمد عمل کرده‌اند.

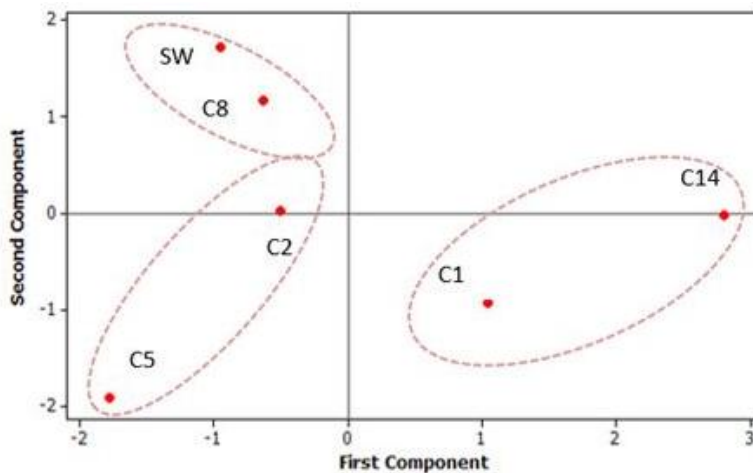
مشخص در سمت راست و بالاتری قرار گیرند میزان خویشاوندی ژنوتیپ‌ها و تشابه ژنتیکی آن‌ها افزایش می‌یابد. بنابراین دو ژنوتیپ C₈ و C₁₄ که در نقطه انتهایی و بالایی دو محور قرار گرفته اند بیشترین میزان تشابه ژنتیکی را با هم داشته‌اند. همان‌طور که در شکل ۳ مشخص شده است، ضریب همبستگی کلیه ژنوتیپ‌ها با ژنوتیپ C₅، کمترین مقدار و برابر با ۰/۱۹ بوده است. به عبارت دیگر، تمام ژنوتیپ‌ها کمترین میزان همبستگی ژنتیکی را نسبت به ژنوتیپ C₅ داشتند که این موضوع نشان‌دهنده اختلاف ژنتیکی زیاد C₅ با سایر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. علاوه بر C₅، قرارگیری نقاط مقایسه‌ای ژنوتیپ C₂ با دیگر ژنوتیپ‌ها در قسمت‌های پایینی و چپ شکل ۲، نیز حاکی از تفاوت بیشتر و همبستگی ژنتیکی کم این ژنوتیپ با سایر ژنوتیپ‌ها می‌باشد و تأیید مجدد بر صحت نتایج دندروگرام خوشه‌ای رسم شده برای ژنوتیپ‌های مورد بررسی است.

براساس مطالب فوق، بین نتایج حاصل از بررسی‌های مورفولوژیکی و مولکولی تفاوت‌ها و شباهت‌هایی مشاهده شد که در بسیاری منابع وجود تفاوت‌ها به دلیل تأثیر عوامل محیطی روی فنوتیپ گیاهان عنوان شده است. از جمله شباهت‌های بین نتایج دو روش می‌توان به قرابت دو ژنوتیپ C₈ و C₁₄، تشابه بالای ژنوتیپ‌های C₁ و C₁₄ و همچنین فاصله زیاد ژنوتیپ C₅ از سایر ژنوتیپ‌ها اشاره کرد.

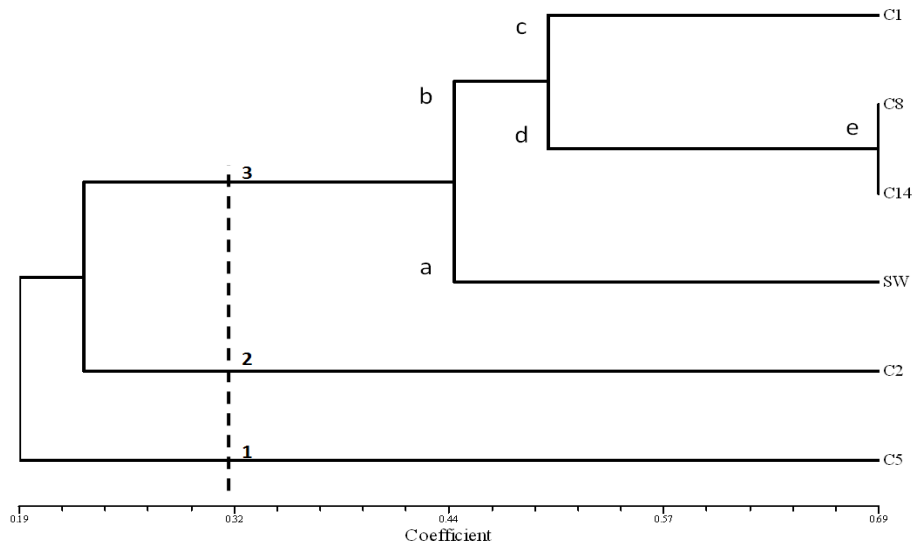
بطور کلی نتایج حاصل از این مطالعه، نه تنها مانند مطالعات مشابه انجام شده قبلی (۲۷،۲۰،۱۳،۱۰) بر کارایی نشانگرهای ریزماهواره در ارزیابی سطح تنوع ژنتیکی تأکید کرد، بلکه وجود تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را از لحاظ مورفولوژیکی و نیز مولکولی که منتخبی از ژرم پلاسم این گیاه در استان‌های سه گانه خراسان هستند، به اثبات رسانید. به این ترتیب با مطالعات بیشتر و انتخاب ژنوتیپ‌های برتر می‌توان زمینه تلافی مؤثر و با هتروزیس بالا جهت تولید و معرفی واریته‌های اصلاح شده این محصول مهم تجاری را فراهم کرد.

مجدداً به دو بخش تفکیک شد و بخش C به ژنوتیپ C₁ منتهی شد. در نهایت زیر شاخه d به یک خط عمودی که دو ژنوتیپ C₈ و C₁₄ را در بر می‌گرفت، متصل گردید. بنابراین براساس نتایج ضرایب تشابه بین ژنوتیپ‌ها و دندروگرام تجزیه خوشه‌ای حاصل، می‌توان نتیجه گرفت که ژنوتیپ‌های C₂ و C₅ حداکثر تفاوت ژنتیکی را با ژنوتیپ‌های مورد بررسی با توجه به داده مولکولی داشته‌اند که در گروه‌های کاملاً مجزا با سایر ژنوتیپ‌ها قرار گرفته‌اند. در خوشه سوم روابط بین ژنوتیپ‌ها نزدیک‌تر و زنجیره‌ای شده است که این موضوع حاکی از قرابت بیشتر این چهار ژنوتیپ نسبت به یکدیگر در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌ها است. به طوری که دو ژنوتیپ C₈ و C₁₄ از لحاظ ژنتیکی بسیار نزدیک به هم تشخیص داده شد و هر دو با ژنوتیپ C₁ خویشاوندی نزدیکی نشان دادند (شکل ۲). در زیر شاخه بعدی این سه ژنوتیپ (C₁، C₈ و C₁₄) با رقم هندوانه شیرین کریمستون سوویت ارتباط یافته اند که نشان دهنده قرابت کلی آنها با یکدیگر است.

در اغلب مطالعاتی که تاکنون روی ژرم پلاسم هندوانه انجام شده است، سطح تنوع مولکولی بین ژنوتیپ‌های هندوانه پایین گزارش شده است (۲۰،۱۳). اما در پژوهش حاضر دو ژنوتیپ C₅ و C₂ به طور مجزا در شاخه‌هایی جداگانه قرار گرفته‌اند که این موضوع بیانگر تفاوت ژنتیکی قابل توجه آنها با سایر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. این تفاوت در سطح مورفولوژیکی بوته و میوه، قبلاً در مزرعه نیز به وضوح دیده شد (داده‌ها در حال انتشار). لذا از نظر به‌نژادی یک مزیت مهم بوده و امکان‌پذیرش را افزایش می‌دهد. برای مطالعه جزئی‌تر پراکنش ژنوتیپ‌ها به لحاظ ژنتیکی، از آزمون مانتل که اساس آن مقایسه دوتایی ژنوتیپ‌ها براساس دو معیار تشابه جاکارد و ضریب همبستگی کوفنتیک است، استفاده گردید (۱۹). نمودار حاصل میزان قرابت و خویشاوندی بین ژنوتیپ‌ها را به صورت کمی و تصویری نشان می‌دهد (شکل ۳). به طوری که هرچه نقاط مقایسه‌ای بین دو ژنوتیپ

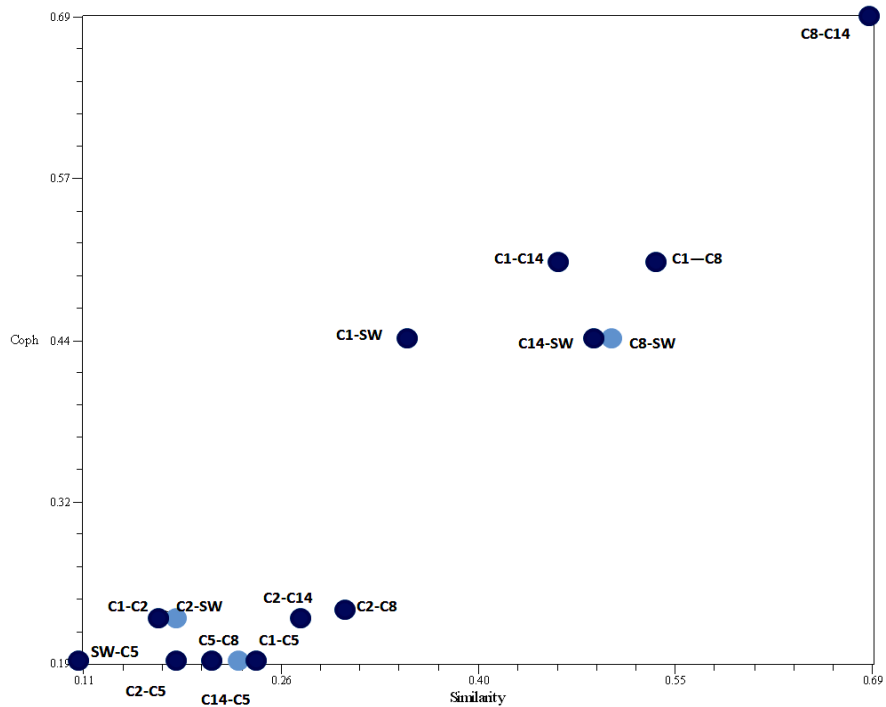


شکل ۱- نمودار بای پلات براساس دو مؤلفه اصلی اول
Figure 1. The biplot diagram based on the first two main components



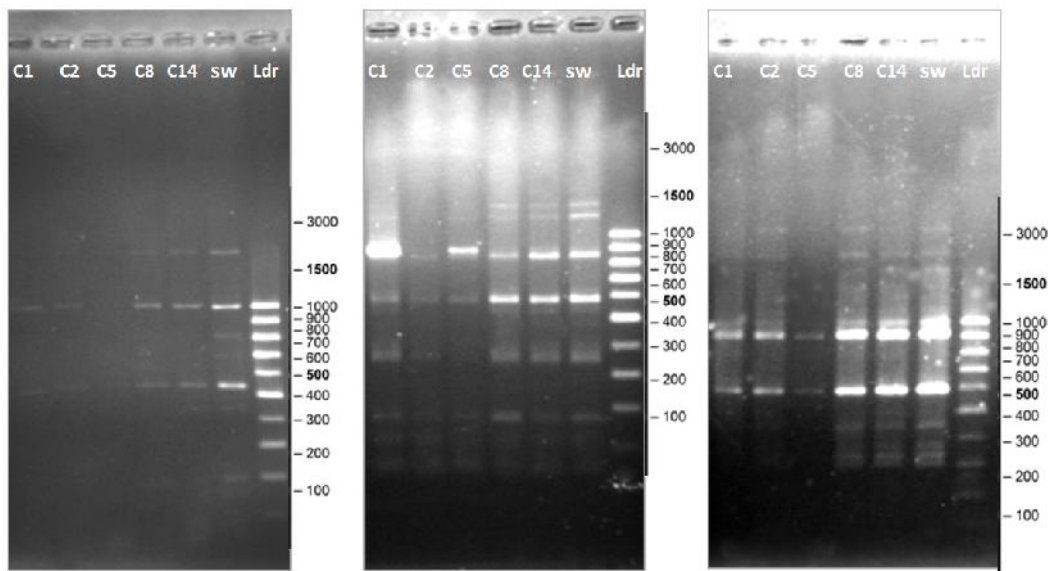
شکل ۲- نمودار تنوع ژنتیکی براساس الگوریتم UPGMA و نیز ضریب تشابه جاکارد. برش نمودار از محل میانگین ضریب تشابه جاکارد صورت گرفته است (۱).

Figure 2. The genetic variation dendrogram based on the UPGMA algorithm and Jaccard's similarity coefficient. The cut-off in the dendrogram is based on the average Jaccard similarity coefficient (1)



شکل ۳- نمودار پراکنش ژنوتیپها براساس آزمون مانتل. نقاط معرف مقایسات دوتایی بین ژنوتیپها براساس دو معیار تشابه جاکارد و ضریب همبستگی کوفنتیک است.

Figure 3. Distribution patterns of the genotypes based on Mantel test. The dots representing binary comparisons between genotypes are based on Jaccard's similarity and cophenetic correlation coefficients



شکل ۴- مکان های تکثیر شده بوسیله برخی از پرایمرها (P₃, P₅ و P₈ به ترتیب از سمت راست به چپ)
Figure 4. DNA fragments amplified by some primers (P₃, P₅ and P₈ from right to left, respectively)

منابع

1. Abedinpour, H. 2013. The study of genetic diversity and relationships among a number of local citrus genotypes using phenotypic traits and molecular. M.Sc. Thesis of Agricultural Biotechnology, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University, Sari, Iran. 75 pp (In Persian).
2. Anonymous. 2014. News-Analysis of Industry Nuts. <http://nutsnews.ir>. (In Persian).
3. Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick and R.W. Davis. 1980. Construction of genetic linkage map in man using RFLP. American Journal of Human Genetics, 32: 314-331.
4. Elebekkay, M., L. Laarayedh, R. Lamari, H. Hamidi and A. Ferchichi. 2009. Characterization of several local cultivars of Watermelon collected from arid region in Tunisia. Journal of Arid Land Studies, 19: 205-208.
5. Erhihie, E.O. and N.E. Ekene. 2013. Medicinal values on *Citrullus lanatus* (watermelon): Pharmacological review. International Journal of Research in Pharmaceutical and Biomedical Sciences, 4: 1305-1312.
6. FAO. 2011. FAOSTAT. <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>.
7. Gougerdchi, V., S. Dezhsetan, M. Izadi Dogonchi, M.A. Ebrahimi, A. Asghari and B. Sadeghzadeh. 2017. Assessment of Genetic Diversity and Association Analysis for Phonological Traits Related to Drought Escape in Barley Lines using Microsatellite Markers. Journal of Crop Breeding, 8: 69-60 (In Persian).
8. Huh, Y.C., I. Solmaz and N. Sari. 2008. Morphological characterization of Korean and Turkish Watermelon germplasm. Preceding of IX the EUCARPIA meeting on genetics and breeding of Cucurbitaceae, (France), May 21-24.
9. Joobeur, T., G. Gusmini, X. Zhang, A. Levi, Y. Xu, T.C. Wehner, M. Oliver and R.A. Dean. 2006. Construction of a watermelon BAC library and identification of SSRs anchored to melon or *Arabidopsis* genomes. Theoretical Applied Genetics, 112: 1553-1562.
10. Katzir, N., Y. Tzuri, G. Karchi, Z. Lavi and U. Cregan. 1996. Length polymorphism and homologies of microsatellites in several *Cucurbitaceae* species. Theoretical and Applied Genetics, 93: 1282-1290.
11. Kiani, M and GH. Jahanbin. 2006. Assessment of genetic diversity in native population's watermelon in Iran. Iranian Journal of Agricultural Research, 4: 1-16 (In Persian).
12. Khoramipor S., M. Dehdari and R. Amiri Fahliani. 2017. Study of Genetic Diversity in Sorghum (*Sorghum Bicolor* L.) Genotypes using Microsatellite Markers Journal of Crop Breeding, 8: 123-116 (In Persian).
13. Kwon, Y., Y. Oh, S. Yi, H. Kim, J. An, S. Yang, S. Ok and J. Shin. 2010. Informative SSR markers for commercial variety discrimination in watermelon (*Citrullus lanatus*). Genes & Genomics, 32: 115-122.
14. Levi, A., C. Thomas, A.P. Keinath and T.C. Wehner. 2001. Genetic diversity among watermelon (*Citrullus lanatus* and *Citrullus colocynthis*) accessions. Genetic Resource and Crop Evolution, 48: 559-566.
15. Levi, A., C.E. Thomas, T. Trebish, A. Salmon, J. Karalius, M. Newman, O.U.K. Reddy, Y. Xu and X. Zhang. 2006. An extended linkage map for watermelon based on SRAP, AFLP, ISSR and RAPD markers. Journal of the American Society for Horticultural Science, 131: 393-402.
16. Liliya, K. 2000. Organization of plant genetic resources in Bulgaria Acta Horticulturae, 510: 247-250.

17. Mirkazemi, F. 2012. Technical Publication of Watermelon, 1:1-12 (In Persian).
18. Moaiedi nejad, A., A. Ershadi, J. Abas kohpaigani and F. Dashti. 2010. Genetic diversity among iranian cantaloupe landraces (*cucumis melo* L.) using microsatellite markers. *Agricultural Biotechnology*, 9: 42-52 (In Persian).
19. Mohammadi, M. 2003. Molecular analysis of data from the perspective of genetic variation. 9th Iranian Crop Sciences Congress. Iran- Tehran (In Persian).
20. Mujaju, C., J. Sehic, G. Werlemark, L.Garkava-Gustavsson and M. Fatih. 2010. Genetic diversity in vatermelon (*Citrullus lanatus*) landraces from Zimbabwe revealed by RAPD and SSR markers. *Herediats*, 147: 142-153.
21. Nabipour, A. and A. Nasr Ala Nejad Ghomi. 2014. Guide research in the life sciences (First Edition). Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, 186 pp (In Persian).
22. Naroei, M., M. Allah do, A. GHasemi and H. Fanaei. 2009. Investigation of Genetic Diversity and Broad Sense Heritability in Watermelon Accessions of Sistan. *Iranian Horticultural Science*, 40: 95-103 (In Persian).
23. Nei, M. and W.H. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 76: 5269-5273.
24. Semagn, K., A. Bjørnstad and M.N. Ndjiondjop. 2006. An overview of molecular marker methods for plants. *African Journal of Biotechnology*, 5: 2540-2568.
25. Shi, W., C.F. Yang, J.M. Chen and Y.H. Gou. 2008. Genetic variation among wild and cultivated populations of the Chinese medicinal plant *Coptis Chineseis* (Ranunculaceae). *Plant Biology*, 10: 485-491.
26. Uzan, A. and T. Yesiloglu. 2012. Genetic divercity in Citrus. In: *Genetic Diversity in Plants*, Caliskan, M. (Ed.), In Tech, pp: 213-231.
27. Zhang, H., H. Wang and Sh. Guo. 2012. Indentification and validation of a core set of microsatellite markers for genetic diversity analysis in watermelon, *Citrullus lanatus* Thunb. *Matsum. & Nakai. Euphytica*, 186: 329-342.

Assessment of Genetic Diversity for some Candidate Edible Seed Watermelon Genotypes using SSR Markers and Morphological Traits

Fereshteh Honari¹, Saeid Vessal², Nad Ali Babaean Jelodar³ and Nad ali Bagheri⁴

1, 3 and 4- Gradated M.Sc. Student, Professor and Assistant Professor, Sari Agricultural sciences and Natural Resources University

2- Assistant Professor, Ferdowsi University of Mashhad, (Corresponding author: vessalsr@gmail.com)

Received: November 20, 2014

Accepted: December 22, 2015

Abstract

Edible seed watermelon is a cash crop in rain-fed condition in Khorasan provinces, with little research paid to it yet. In this study, genetic variation was evaluated among five candidate genotypes of edible seed watermelon, along with one commercial cultivar (Crimson Sweet) using 10 microsatellite primers (SSR) as well as morphological studies. 14 morphological traits were evaluated and analyzed during 45 days of early plant growth. Principal Components Analysis on morphological data could separate the genotypes into three distinct groups, including C₁ and C₁₄ genotypes in one group, C₈ and SW in the next and C₂ and C₅ in the third one. For molecular analysis, genomic DNA was extracted and amplified further by the primers, followed by electrophoresis of the products. A total of 76 clear alleles were produced, of which 42 were polymorphic alleles. Average number of polymorphic alleles per locus was 6, ranging from 2 to 8. Polymorphic information content (PIC) varied within 0.46 to 0.85. Cluster analysis based on Jaccard's similarity coefficient and Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) algorithm classified the genotypes into three main clusters. C₂ and C₅ genotypes placed separately in different cluster that represents high genetic distance from the other genotypes. In this dendrogram, a very close genetic relationship was found between C₈ and C₁₄ genotypes. The scatter plot of genotypes based on Jaccard's correlation coefficient and Cophenetic correlation also confirmed a significant genetic difference between both C₂ and C₅ genotypes compared with other genotypes. The data from this experiment suggested a considerable diversity in terms of morphological and molecular aspects among the genotypes, which is very crucial for selection and breeding purposes in this crop.

Keywords: Cophenetic Correlations, Edible seed watermelon, Genetic diversity, Jaccard's similarity coefficient, Microsatellite, Morphological traits