

## **Evaluation of progeny and introduction of superior genotypes of F<sub>2</sub> generation resulting from crossing of Samsoori cantaloupe by Galia commercial cultivar**

### **Introduction**

Cantaloupes, are a group of *Cucumis melo* cultivars, that have round, fragrant fruits with netted skin. Our country, is one of the top five producers of cantaloupe, and melon in the world. Its original origin, is still debated, but one of the important centers of its diversity, is Iran. Although, native cultivars, such as, Saveh cantaloupe, Samsoori, Rish Baba, and various types of Tiles, are often of good quality, and taste, but they are sensitive to a variety of fungal and viral diseases and as a result, their yield is low. On the other hand, every year new cultivars and hybrids, are introduced by seed companies, which are welcomed by farmers, due to, their better agronomic characteristics, and resistance to a wider range of diseases. Continuation of this process, in addition to severe genetic erosion of native cultivars, and populations, and even the complete elimination of some of them, will have consequences such as, dependence of production on foreign companies, annual departure of currency from the country, and non-exploitation of the country's genetic resources. Therefore, it seemed that by creating a diverse population resulting from the crossing of superior native cultivars with cultivars of commercially resistant hybrid to diseases, and then, successive selections, new cultivars, with desirable traits of both parents, could be achieved. Thus, in this study, heritability, minimum and maximum mean values of parents, and F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generations, aggressive segregation, and relative frequency of qualitative traits, in F<sub>2</sub> generation, and selection of the best genotypes, in two dispersing NGF<sub>2</sub> populations, were investigated.

### **Materials and Methods**

Parental cross, was performed in the spring of 2017, between Samsoori cantaloupe cultivar (round, striped fruit, cream skin color, completely reticulate, green flesh, very early ripening fruit, poor transportability and durability, free pollinator and high homogeneity) as the selected native paternal parent, and commercial cultivar from Gallia group, that called Cory and as maternal parent (round fruit, completely reticulate, no striped skin, yellow to cream skin color, high transportability and durability, green and very sweet flesh, high resistance to various plant diseases and viral diseases) and produced by Seminis Company. The first-generation seeds, obtained from parental crosses, were planted in the greenhouse in the fall of 2017, and were self-sown. In the spring of 1397, 1000 seeds of F<sub>2</sub> generation, along with parent seeds, and their first generation, were planted in a seedling tray, in the greenhouses of the Faculty of Agricultural Technology (Aborihan) of Tehran University, and transplanted to the ground, in the rental research production farm, located, in Filistan village-Golzar sector-Pakdasht. Controlled pollination, (isolation of male flowers, and manual inoculation) was performed, for all second-generation plants. Selection for subsequent generations, was done by pedigree method, all plants in F<sub>2</sub> generation, were evaluated, and selected. Morphological traits, such as, plant form and phenological traits, such as, day to fruit harvest, were evaluated, and recorded. Plant health, was assessed against common and important fungal, viral and mites, under normal field conditions by scoring the severity of infections in four categories. Fruit quality traits were measured based on nominal, sequential and interval scales and quantitative fruit traits were also measured. Tables of minimum and maximum values, variances, general heritability, transgressive segregation, etc for quantitative traits, also relative frequency percentages and observed genetic ratios for quantitative traits, were calculated.

### **Results and Discussion**

The results showed that all quantitative traits in the F<sub>2</sub> population had a general heritability above 90%. The mean of all quantitative traits except soluble solids and fruit flesh thickness in F<sub>1</sub> population was lower than the parental average. In F<sub>2</sub> population, for all quantitative traits, positive transgressive segregation was observed, compared to, the superior parent, and negative transgressive segregation was observed, compared to, the less valuable parent. In the F<sub>2</sub> population, nearly 80% of the genotypes, were completely reticulate, and 20% had less or no netting, on the fruit skin. These results were almost consistent with genetic ratios of 3:1. Also, 35% of F<sub>2</sub> population genotypes, were striped and more than 80% of them had yellowish skin color and green flesh color. Due to, the fact that, selection based on traits with high heritability, will be more reliable, and successful in early generations, so, it is better, to select the best genotypes, in this population, based on fruit weight, soluble solids, and early maturity, respectively.

### **Conclusion**

In the F<sub>2</sub> population, for all quantitative traits, positive transgressive segregation, was observed for the superior parent, ratio and negative separation, was observed for the less valuable parent. In traits with high heritability, the effect of genetic variance, was greater than environmental variance, and, as a result, cultivar selection based on these traits, will be more reliable, and successful, in early generations. Therefore, it is better, to selection, the best genotypes in the early generations, in the F<sub>2</sub> population, based on fruit weight, (with high genetic efficiency), soluble solids, day to fruit ripening, and with the pedigree management, of the populations, it is finally, possible to achieve lines, that have the desirable traits, of both parental cultivars. The resulting lines, can be used to produce, new hybrids, or provided, to the farmer, as a single cultivar.

**Keywords:** Correlation analysis, transgressive segregation, Breeding population, Selection, Heritability

## ارزیابی نتاج و معرفی ژنوتیپ‌های برتر نسل دوم حاصل از تلاقی طالبی سمسوری

### با رقم تجاری گالیا

صفدر پورمببینی، حسین رامشینی، محمود لطفی\*

\*-mlotfi@ut.ac.ir

#### چکیده

ارقام بومی طالبی در ایران کیفیت و طعم مطلوبی دارند ولی به دلیل حساسیت به بیماری‌های قارچی و ویروسی و عملکرد پایین در مقایسه با ارقام هیبرید وارداتی به تدریج از چرخه تولید حذف می‌شوند. به منظور ترکیب صفات و تشکیل جمعیت اصلاحی، طالبی رقم سمسوری با یک رقم هیبرید تجاری از گروه گالیا به نام "کوری" که در سال‌های اخیر به دلیل مقاومت به بیماری‌ها، قطر گوشت و شیرینی بالا بسیار مورد استقبال جالیزکاران قرار گرفته است، تلاقی داده شد. در این پژوهش تعداد ۱۰۰۰ عدد گیاه نسل دوم حاصل از تلاقی رقم سمسوری با رقم کوری، به همراه بذره‌های والدی و نسل اول آنها کشت شدند تا به روش شجره‌ای، بوته‌ها ضمن خودگشایی، در شرایط طبیعی مزرعه برای صفات زراعی، مقاومت به بیماری‌ها و در آزمایشگاه برای صفات کمی و کیفی میوه مورد ارزیابی و گزینش قرار گیرند. نتایج نشان داد همه صفات کمی مورد ارزیابی، بجز ضخامت پوست میوه (۰/۶۶۱) و شاخص شکل میوه (۰/۵۳۱) دارای وراثت‌پذیری عمومی بالای ۸۵ درصد بودند. میانگین همه صفات کمی به جز مواد جامد محلول (۱۰/۸) و ضخامت گوشت میوه (۳/۵۲) در جمعیت F<sub>1</sub> نسبت به میانگین والدین کمتر بود. در جمعیت F<sub>2</sub> برای تمام صفات کمی تفکیک متجاوز مثبت نسبت به والد برتر و تفکیک متجاوز منفی نسبت به والد با ارزش کمتر مشاهده شد. در جمعیت F<sub>2</sub> نزدیک به ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها کاملاً مشبک و ۲۰ درصد دارای میزان شبکه کمتر و یا بدون شبکه روی پوست میوه بودند. این نتایج با نسبت‌های ژنتیکی ۳ به ۱ مندلی همخوانی داشت. همچنین ۳۵ درصد ژنوتیپ‌های جمعیت F<sub>2</sub> خط‌دار بودند و بیش از ۸۰ درصد آنها رنگ پوست میوه متمایل به زرد و رنگ گوشت میوه سبز داشتند. با توجه به اینکه انتخاب بر اساس صفات با وراثت‌پذیری بالا در نسل‌های اولیه قابل اعتماد و موفقیت آمیزتر خواهد بود، بنابراین بهتر است گزینش ژنوتیپ‌های برتر در این جمعیت به ترتیب بر اساس صفات مهم اقتصادی، وزن میوه، مواد جامد محلول و زودرسی صورت گیرد.

کلید واژه: تجزیه همبستگی، تفکیک متجاوز، جمعیت اصلاحی، گزینش، وراثت‌پذیری

طالبی به گروهی<sup>1</sup> از ارقام گونه *Cucumis melo* گفته می‌شود که میوه‌های گرد، معطر با پوست مشبک دارند. در بازار مصرف ایران این گروه به دلیل گوشت نرم و آبدار کاملاً متمایز و پرترفدار هستند. کشور ما با تولید بیش از یک میلیون و ششصد هزار تن در سال جزو پنج کشور برتر تولید کننده طالبی و خربزه در جهان می‌باشد (FAO, 2019). منشاء اولیه طالبی و خربزه هنوز مورد بحث است ولی یکی از مراکز مهم تنوع آن ایران می‌باشد (Kerje and Grum, 2000). در پی کشت و گزینش زارعین طی قرن‌های متمادی، ده‌ها رقم محلی به جای مانده است که برخی از 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 مطلوبی برخوردار هستند ولی نسبت به انواع عوامل بیماریزای قارچی (*Fusarium oxysporum*, *Macrophomina phaseolina*, *Phytophthora capsici*) (Shirali, 2016)، و ویروسی (CMV, WMV and ZYMV) (Gholizadeh, 2016) حساس و در نتیجه عملکرد آنها پایین است. عدم وجود برنامه به‌نژادی برای این ذخایر ژنتیکی با ارزش، موجب گردید عملکرد ملون‌ها طی چند دهه گذشته در ایران بر خلاف دیگر مناطق جهان روند نزولی داشته باشد و ضمن افزایش هزینه‌های تولید، موجب هدر رفت منابع آب و خاک شود. از طرف دیگر، در سال‌های اخیر به تدریج کشت ارقام وارداتی گسترش یافته که اگرچه خیلی مطابق سلیقه مصرف کننده ایرانی نیستند اما جالب کاران آنها را به دلیل مقاومت و عملکرد بالا ترجیح می‌دهند. بنابراین هر سال ارقام و هیبریدهای جدیدی توسط شرکت‌های بذری معرفی می‌شوند که علی‌رغم قیمت بسیار بالا به دلیل داشتن ویژگی‌های زراعی بهتر و مقاومت به طیف وسیع‌تری از بیماری‌ها مورد استقبال زارعین قرار می‌گیرند. ادامه این روند، ضمن فرسایش شدید ژنتیکی ارقام و توده‌های بومی و حتی حذف کامل برخی از آنها، پیامدهایی از قبیل وابستگی تولید این محصول بومی به شرکت‌های خارجی، خروج هر ساله ارز از کشور و عدم بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی کشور را در پی خواهد داشت.

مهمترین صفات جهت آزاد سازی ارقام جدید طالبی عملکرد بالا، شکل و اندازه، زودرسی و کیفیت میوه می‌باشد (Zalapa et al. 2006). آگاهی از وراثت‌پذیری صفات، نوع عمل ژن‌های کنترل کننده، وجود هتروزیس و تعدد و تنوع تفکیک یافته‌های متجاوز نسبت به والدین در گزینش ژنوتیپ‌های برتر اهمیت فراوانی دارد. بالابودن وراثت‌پذیری عمومی بیانگر زیادت‌بودن تنوع ژنتیکی نسبت به تنوع محیطی و همچنین ادغام اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در جمعیت مورد نظر است. هرچه میزان وراثت صفتی بالاتر باشد، نرخ نسبی انتقال صفات از والدین به نتاج بالاتر خواهد بود (Zalapa et al. 2007, 2008). بالا بودن وراثت‌پذیری خصوصی نشان دهنده سهم پایین اثرات محیطی بر صفات و بالا بودن سهم اثرات افزایشی ژن‌ها در کنترل صفت است. وراثت‌پذیری خصوصی پایین صفات نشان می‌دهد که گزینش در نسل‌های اولیه اصلاحی به منظور بهبود این صفات، بازده ژنتیکی مطلوبی نداشته و بهتر است به نسل‌های پیشرفته‌تر ماکول شود تا همراه با افزایش سهم اثرات افزایشی ژن‌ها، بازده ژنتیکی گزینش نیز افزایش یابد (Dorri et al., 2014). هر چه عمل افزایشی ژن برای صفات مورد نظر بیشتر باشد بازدهی ناشی از انتخاب بیشتر است و از اثرات غالبیت و فوق غالبیت می‌توان در برنامه‌های تولید ارقام دورگ و بهره‌مندی از هتروزیس استفاده کرد (Ehdaie, 2008).

نارویی راد و رافضی (Naroui Rad and Rafezi, 2020) جهت بررسی و توصیف مورفولوژیکی و تجزیه و تحلیل اجزای ژنتیکی صفات و عملکرد میوه در ۱۰ توده خربزه ایرانی نشان دادند واریانس فنوتیپی در اکثر صفات بیشتر از واریانس ژنوتیپی بود. تعداد میوه و قطر گوشت با ۷۴ و ۷۰ درصد به ترتیب بیشترین وراثت پذیری را بین صفات داشتند. همچنین نتایج نشان داد عملکرد با وزن میوه، قطر گوشت و قطر حفره همبستگی مثبت و بسیار معنی دار داشت. راخی و رجامونی (Rakhi and Rajamoni, 2005) با بررسی ۴۲ توده طالبی- خربزه، تنوع، وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی صفات را مورد ارزیابی قرار دادند. نتایج نشان داد عملکرد بوته و پس از آن وزن میوه دارای حداکثر ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی بودند. وراثت پذیری همراه با پیشرفت ژنتیکی بالا برای طول میوه، وزن متوسط میوه مشاهده شد که نشان دهنده وجود زمینه برای بهبود خربزه از طریق انتخاب است.

در پژوهشی بر روی صفات وابسته به عملکرد، دو ژنوتیپ طالبی تلاقی داده شدند و تفاوت معنی دار بین والدین و نتاج برای همه صفات مشاهده شد و تجزیه میانگین نسل ها برای گیاهان  $F_3$  نشان داد اثر افزایشی ژن های کنترل کننده تعداد ساقه فرعی اولیه و تعداد میوه مهم تر بودند در حالی که در کنترل صفات روز تا گلدهی، وزن میوه در هر بوته و میانگین وزن میوه اثرات ژنی غالبیت و اپیستازی حائز اهمیت بیشتری بودند (Zalapa *et al.* 2006). زالاپا و همکاران (Zalapa *et al.*, 2008) در ارزیابی صفات میوه، دورگ های حاصل از یک رقم اسپانیایی<sup>۱</sup> با چند توده از سایر مناطق دنیا برای صفات طول و شکل میوه هتروزیس مثبت (بصورت کشیده شدن طول میوه) مشاهده کردند ولی برای مواد جامد محلول هتروزیس مشاهده نشد (Monforte *et al.* 2005). هتروزیس مثبت در پژوهش های دیگری روی ملون های شرقی نیز مشاهده شده است (Iathet and Piluek, 2006; Kitroongruang *et al.* 1992).

با تشکیل جمعیت های حاصل از تلاقی ارقام برتر بومی با ارقام مطلوب و مقاوم به بیماری ها و سپس گزینش های متوالی می توان به ارقام جدید واجد صفات مطلوب هر دو والد دست یافت (Pitrat, 2008). بر این اساس اولین گام در هر برنامه اصلاحی، انتخاب والدین مناسب دارای صفات مطلوب برای انجام تلاقی می باشد. رقم طالبی سمسوری یکی از ارقام آزاد گرده افشان بومی است که از هموزیگی بالایی برخوردار است و به دلیل شکل مناسب، طعم مطلوب و زودرسی سطح کشت بسیار وسیعی را به خود اختصاص داده است (Jariani *et al.* 2021). در سال های اخیر چند نمونه برگزیده با نام سمسوری ۸۸، سمسوری و فلات از این رقم از طریق گزینش توده های معرفی شده است ولی همه آنها نسبت به انواع بوته میری و بیماری های ویروسی بسیار آسیب پذیر می باشند (Shahriary and Torabi, 2012). اگرچه لاین های اصلاحی مختلفی برای مقاومت به برخی از بیماری های مهم معرفی شده است ولی انجام تلاقی برگشتی با تک تک آنها بسیار مشکل و وقت گیر خواهد بود. از سوی دیگر در سال های اخیر ارقام هیبریدی معرفی شده اند که بسیاری از ژن های مقاومت در آنها تجمع شده و میوه های آنها هم کیفیت بالا و نزدیک به والدهای ایرانی دارد. از این رو در این تحقیق وراثت پذیری، بررسی مقادیر کمینه و بیشینه میانگین والدین و نسل های  $F_1$  و  $F_2$ ، بررسی تفکیک متجاوز و فراوانی نسبی صفات کیفی در نسل  $F_2$  و

گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها در دو جمعیت در حال تفرق NGF2 مورد بررسی قرار گرفت. این جمعیت از تلاقی رقم سمسوری در رقم گالیا تولید شده است.

## مواد و روش‌ها

### مواد گیاهی و روش اصلاحی مورد استفاده

در بهار سال ۱۳۹۶ طالبی رقم سمسوری (*Cucumis melo cv. Samsoori*) دارای میوه گرد، خطدار، رنگ زمینه پوست کرم، کاملاً مشبک، گوشت سبز، آبدار و شیرینی متوسط، تشکیل میوه متمرکز و بسیار زودرس، قابلیت حمل و نقل و ماندگاری ضعیف به عنوان منتخب بومی با یک رقم تجاری از گروه گالیا به نام "کوری"<sup>۱</sup> با میوه گرد، کاملاً مشبک، بدون خط و شیار، رنگ زمینه پوست زرد تا کرم، قابلیت حمل و نقل و ماندگاری بالا، گوشت سبز دارای بافت سفت و پایدار، مقاومت بالا نسبت به انواع بوته‌میری و بیماری‌های ویروسی (Pitrat, 2008) در مزرعه پژوهشی پردیس ابوریحان دانشگاه تهران (پاکدشت) تلاقی داده شدند. رقم کوری از آن جهت انتخاب شد که در بررسی‌های قبلی علاوه بر مقاومت یا تحمل به طیف وسیعی از بیماری‌های قارچی و ویروسی در مزرعه، بیشترین شباهت در صفات مورد نظر را به رقم سمسوری داشت. بذور نسل اول حاصل از تلاقی در پاییز سال ۱۳۹۶ در گلخانه کشت و به منظور بروز تنوع خودگشن گردیدند. در بهار ۱۳۹۷ تعداد ۱۰۰۰۰ بذر از نسل F<sub>2</sub> به همراه بذور والدین و نسل اول آنها داخل گلخانه در سینی نشا کشت و پس از حدود یک ماه نشاهای مرحله سه برگه مقاوم سازی و به زمین مزرعه واقع در فیلستان شهرستان پاکدشت با بافت خاک لومی شنی منتقل گردیدند. فاصله ردیف‌های کشت ۱۷۰ و فاصله بوته‌ها روی ردیف ۸۰ سانتی‌متر بود. با توجه به اینکه در نظر بود گزینش برای نسل‌های بعدی به روش شجره‌ای<sup>۲</sup> انجام شود (Pitrat, 2008)، گیاهان در نسل F<sub>2</sub> مورد ارزیابی و گزینش قرار رفتند. از طرف دیگر، چون بسیاری از صفات بعد از تشکیل و برداشت میوه‌ها مشخص می‌شدند، عملیات گرده افشانی کنترل شده برای تمام بوته‌های نسل دوم انجام شد تا هر بوته حداقل یک میوه حاصل از خودگشنی برای انتقال به نسل بعد داشته باشد. برای این منظور گل‌های نر و دوجنسه هر گیاه جهت جلوگیری از ورود حشرات، روز قبل از شکوفایی با یک سنجاق ایزوله و صبح روز بعد تا قبل از ساعت ۱۱، تلقیح گل‌ها بصورت دستی انجام می‌شد (Rajitha Nair and Kumar, 2021). برای اطمینان از تشکیل دست‌کم یک میوه، در هر بوته تعداد ۳ گل خودگشن شدند.

### ارزیابی ویژگی‌های زراعی بوته‌ها

پس از استقرار گیاهان در زمین، تک تک بوته‌ها بصورت هفتگی ارزیابی و ویژگی‌های مهم آنها یادداشت شد. ضمن انجام عملیات زراعی و مراقبت‌های لازم در طول دوره رشد گیاهان، صفات مورفولوژیک مانند فرم و میزان گستردگی بوته و صفات فنولوژیک مانند روز تا برداشت میوه ارزیابی و یادداشت برداری شدند. از نظر فرم و شکل ظاهری، بوته‌ها در سه سطح (بوته‌های رونده با ظاهری شبیه والد گالیا با رتبه ۱، بوته‌های کپه‌ای شبیه والد

1- Cory

2- Pedigree method

ایرانی با رتبه ۳ و بوته‌های حد واسط با رتبه ۲ قرار داده شدند. از نظر میزان رشد رویشی و گستردگی، بوته‌ها در پنج سطح (کوچکترین بوته‌ها در رده ۱ و بزرگترین بوته‌ها تحت عنوان بوته‌های علوفه‌ای در رده ۵) قرار گرفتند. فقط بوته‌های دارای عادت رشد رویشی با رتبه بین ۲ تا ۴ به شرط داشتن دیگر ویژگی‌های مناسب گزینش شدند (Choudhary et al. 2015; Adib et al. 2022). تصویر میوه و بوته گیاهان والدی و برخی از بهترین ژنوتیپ‌های گزینش شده در جمعیت F<sub>2</sub> در شکل ۳ ارائه شده است.

### ارزیابی بوته‌ها از نظر بوته میری، آلودگی به ویروس و کنه

ارزیابی سلامت بوته‌ها نسبت به بیماری‌های شایع و مهم قارچی، ویروسی و کنه تحت شرایط طبیعی مزرعه با امتیاز دهی شدت آلودگی‌ها در چهار رده انجام شد. بر اساس بررسی انجام شده توسط متخصصین بیماری‌های گیاهی شایع‌ترین عامل بوته‌میری در مزرعه آزمایشی قارچ *Macophomina phaseolina* بود. برخی بوته‌های آلوده شده بعد از مدتی پژمرده شده و از بین می‌رفتند ولی برخی علیرغم ظهور علائم، تحمل کرده و زنده می‌ماندند. از نظر بوته میری، بوته‌های کاملا سالم و با ساقه‌های بدون علامت در رده ۱، آلودگی بافت‌های ساقه کمتر از ۲۵ درصد در رده ۲، آلودگی بافت‌های ساقه ۲۶ تا ۵۰ درصد در رده ۳ و آلودگی بیش از ۵۰ درصد و کاملا تخریب شده در رده ۴ قرار گرفتند.

بر اساس بررسی انجام شده توسط متخصصین بیماری‌های گیاهی شایع‌ترین ویروس‌ها در مزرعه آزمایشی ZYMV، WMV و CMV بودند. برگ بوته‌های آلوده به ویروس علائم زردی یا موزاییکی نشان داده و اغلب با کاهش رشد مواجه می‌شدند (Damicone et al. 2020; Kurosky et al. 2017). از نظر آلودگی ویروسی، بوته‌ها با برگ‌های بدون علائم موزاییکی در رده ۱، بوته‌ها با علائم خفیف روی برگ‌ها در رده ۲، علائم متوسط در رده ۳ و علائم شدید در رده ۴ قرار گرفتند. همچنین بوته‌های آلوده به کنه تارتن دو نقطه‌ای معمولا گرد آلود شده و بخش هوایی آنها پوشیده از تارهایی شبیه تار عنکبوت می‌شدند. از نظر آلودگی به کنه، رده ۱ شامل بوته‌های بدون علائم، رده ۲ آلودگی خفیف، رده ۳ آلودگی متوسط و رده ۴ شامل بوته‌ها با آلودگی شدید بودند (Roy, 1997). بوته‌های مبتلا به انواع بیماری، ویروس یا کنه که به ترتیب دارای رتبه‌ای بالاتر از ۲ داشتند به عنوان بوته‌های با تحمل پایین یا حساس از جمعیت حذف شدند.

### ارزیابی کیفیت میوه‌ها

با توجه به شماره گذاری بوته‌ها، میوه‌های رسیده هر بوته بصورت جداگانه برداشت و به آزمایشگاه تولید و ژنتیک گیاهی پردیس ابوریحان انتقال یافتند. سپس صفات کیفی میوه به شرح زیر و بر اساس مقیاس‌های اسمی، ترتیبی (رتبه‌ای) و فاصله‌ای اندازه‌گیری شد: سفتی پوست میوه در سه سطح (نرم با رتبه ۱، سفتی متوسط با رتبه ۲ و خیلی سفت با رتبه ۳)، رنگ پوست میوه در پنج سطح (سبز، کرمی، زرد، نارنجی و سفید)، میزان شبکه روی پوست در چهار سطح (سطح ۱ برای میوه‌های صاف و بدون شبکه بندی، سطح ۲ برای میوه‌های با شبکه بندی کم و ضعیف، سطح ۳ برای میوه‌های با شبکه بندی نسبتا توسعه یافته ولی ناقص و سطح ۴ برای میوه‌های کاملا مشبک و شبکه برجسته)، وجود یا عدم وجود خط روی پوست میوه در سه سطح (بدون خط با

رتبه ۱، میوه با خطوط کمرنگ با رتبه ۲ و میوه‌های با خطوط کاملاً مشخص با رتبه ۳)، شیار روی پوست میوه در دو سطح (میوه‌های بدون شیار با رتبه ۱ و میوه‌های شیار دار با رتبه ۲)، رنگ گوشت میوه در چهار سطح (سفید، سبز کم رنگ، سبز و نارنجی)، سفتی گوشت میوه در سه سطح (نرم با رتبه ۱، سفتی متوسط با رتبه ۲ و خیلی سفت با رتبه ۳)، آبدار بودن گوشت میوه در دو سطح، آبدار با رتبه ۱ و کم آب با رتبه ۲، ارزیابی شد (Anam et al. 2022; Choudhary et al. 2015; and Adib et al. 2022). بر این اساس، میوه‌های مشبک (با رتبه ۴)، دارای خطوط و رگه (با رتبه ۳)، پوست ضخیم و سفت (با رتبه ۳) و گوشت میوه نرم و آبدار (با رتبه ۱) گزینش شد.

صفات کمی میوه شامل طول میوه یا طول محور بزرگ (فاصله بین نقاط ابتدا و انتهای بزرگترین خط کشیده شده درون میوه)، قطر میوه یا طول محور کوچک (طول بزرگترین خط عمود قابل رسم بر طول میوه)، شاخص شکل میوه (نسبت طول محور بزرگ به طول محور کوچک میوه یا نسبت طول به قطر)، قطر حفره بذری (بیشترین میزان حفره داخلی میوه در جهت عمود بر محور اصلی میوه)، ضخامت گوشت (میانگین ضخامت گوشت میوه از لبه پوست تا حفره بذری میوه) بر حسب سانتی‌متر ثبت شد. تعداد میوه تشکیل شده و وزن متوسط میوه در هر بوته بر حسب گرم و درصد قند میوه (مواد جامد محلول) بر حسب درجه بریکس با ریختن چند قطره از عصاره میوه روی منشور رفراکتومتر اندازه‌گیری شد (Ramezani et al. 2018).

### تجزیه‌های آماری

پس از ارزیابی نهایی و ثبت مشخصات میوه و بوته، داده‌ها نخست در نرم افزار اکسل وارد با گزینش min و max 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، محاسبه شد که به ترتیب میانگین داده‌ها برای والد سمسوری، گالیا، و واریانس والد سمسوری، نسل  $F_1$ ، نسل  $F_2$ ، واریانس محیطی و وراثت‌پذیری عمومی می‌باشند. تفکیک متجاوز مثبت و منفی برای صفات کمی ارزیابی شده، درصد فراوانی نسبی و نسبت‌های ژنتیکی مشاهده شده برای صفات کمی نیز محاسبه گردید. واریانس‌ها و وراثت‌پذیری از طریق فرمول‌های زیر برآورد شد (Pistorale and Adriana, 2008).

$$1) VE = (VP_1 + VP_2)/2 \quad 2) VP = VG + VE \quad 3) VF_2 = VP \quad 4) h^2B = (VG/VP)$$

برآوردهای منفی در محاسبه وراثت‌پذیری صفر در نظر گرفته شد (Robinson et al., 1955). مقادیر مورد انتظار نسل‌ها محاسبه و به کمک آزمون کای اسکور با مقادیر مشاهده شده مقایسه و بررسی شد (Zhang et al., 2005). ضریب همبستگی فنوتیپی پیرسون مبتنی بر کواریانس دو متغیر و انحراف معیار آنها تنظیم شده است که در مورد داده‌هایی با مقیاس فاصله‌ای و نسبی داده‌های کمی استفاده شد.

### نتایج

#### آماره‌های توصیفی صفات کمی و کیفی نسل‌ها

نتایج نشان داد میانگین واریانس والدین (واریانس محیطی) برای همه صفات کمی، کمتر از واریانس فنوتیپی نسل دوم ( $F_2$ ) بوده است (جدول ۱). همان طور که مشاهده می‌شود وراثت‌پذیری آنها بالای ۹۰ درصد برآورد شده است با توجه به نتایج، میانگین همه صفات کمی به جز مواد جامد محلول، شاخص شکل و ضخامت گوشت میوه در نسل  $F_1$  نسبت به میانگین والدین کمتر بود (جدول ۱). در دو صفت وزن و طول میوه میانگین نسل اول از میانگین هر یک از والدین کمتر بوده است. در مواد جامد محلول میانگین نسل اول از میانگین والدین بیشتر بود (جدول ۱)، در صفت ضخامت گوشت میوه میانگین نسل  $F_1$  با میانگین والدین برابر بود در ارتباط با صفات کیفی، میانگین نسل  $F_1$  برای صفت عادت رشد، شبکه روی پوست و سفتی پوست و گوشت میوه، ویروس و کنه از میانگین هر یک از والدین بیشتر بود (جدول ۲). از طرف دیگر میانگین نسل  $F_1$  برای صفاتی مانند فرم بوته، شدت بیماری، خطوط و شبکه‌های روی پوست میوه کمتر از میانگین والدین و با گرایش به یکی از آنها می‌باشد (جدول ۲) در ارتباط با دو صفت ضخامت و شیارهای پوست برابر بودن میانگین نسل  $F_1$  با میانگین والدین، نتایج نشان داد صفات عادت رشد بوته، شدت آلودگی به ویروس، میزان شبکه و شیار و سفتی پوست در میانگین نسل  $F_2$  نسبت به  $F_1$  کاهش داشت. نتایج حاصل از تجزیه همبستگی صفات کمی (جدول ۳) نشان می‌دهد همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح ۱ درصد بین وزن میوه به عنوان یکی از اجزاء عملکرد با سایر اجزاء مانند قطر (\*\*۰/۹۰۸) و طول میوه (\*\*۰/۸۷۸)، اندازه حفره بذری (\*\*۰/۷۰۶)، ضخامت گوشت (\*\*۰/۶۷۱) و روز تا برداشت میوه (\*\*۰/۲۸۰) وجود داشت. ارتباط مثبت و غیر معنی‌داری بین مواد جامد محلول با وزن میوه مشاهده شد. بیشترین همبستگی به ترتیب بین وزن و عرض میوه و وزن و طول میوه مشاهده شد. با توجه به نتایج هیچ گونه همبستگی منفی بین صفات کمی مورد ارزیابی مشاهده نشد.

### تفکیک متجاوز برخی صفات کمی

**وزن میوه.** در ارتباط با وزن میوه در جمعیت  $NGF_2$ ، نقطه اوج نمودار مربوط به فراوانی میوه‌های با وزن بازه ۷۰۰ تا ۸۲۵ گرم می‌باشد که نزدیک به ۱۸ درصد از کل نمونه‌های بررسی شده در جمعیت را تشکیل می‌دهند. تمرکز داده‌ها در بازه ۱۱۲۵ گرم تا ۱۳۷۵ گرم می‌باشد که مربوط به وزن ۲۸ درصد از کل میوه‌ها می‌باشد. با توجه به میانگین والدین و نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  (نمودار ۱ و جدول ۱) بیش از ۸۵ درصد ژنوتیپ‌های این نسل دارای فنوتیپ‌های خارج از محدوده والدین می‌باشند.

**قطر حفره بذری میوه - نتایج پراکنش و گروه‌بندی داده‌ها در شکل ۱، نشان دهنده وجود بیشترین فراوانی نسبی ژنوتیپ‌ها (بیش از ۲۵ درصد) در محدوده ۶ تا ۶/۵ سانتی‌متری از نظر قطر حفره عرضی می‌باشد. بیشترین تمرکز ژنوتیپ‌ها با بیش از ۴۸ درصد مربوط به دسته ۵/۵ تا ۶/۵ سانتی‌متری می‌باشد. با توجه به پراکنش داده در اطراف والدین نزدیک به ۲۳ درصد از نتایج نسبت به والدین تفکیک نشان داد.**



**ضخامت گوشت میوه -** همان گونه که در نمودار فراوانی نشان داده است، بیشترین فراوانی نسبی با ۲۸ درصد مربوط به ژنوتیپ‌های بازه ۴ تا ۴/۲۵ سانتی متر ضخامت گوشت می‌باشد. نزدیک به ۴۴ درصد بوته‌ها در خارج از محدوده میانگین والدین قرار دارند و بیش از ۶۰ درصد ژنوتیپ‌ها نسبت به والدین تفکیک متجاوز نشان دادند.

**مواد جامد محلول میوه (TSS) -** بیشترین فراوانی نسبی (۳۰ درصد) مربوط به ژنوتیپ‌هایی است که مواد جامد محلول میوه آنها در دامنه‌ی ۱۱/۱ تا ۱۲/۲ درصد و بیشترین تمرکز داده‌ها در دامنه ۱۱/۱ تا ۱۳/۳ قرار دارد. نتایج نشان داد مواد جامد محلول میوه نتاج، خارج از محدوده میانگین والدین به عبارتی دارای هتروزیس بوده است.

**روز تا برداشت میوه -** نتایج نشان می‌دهد بالاترین فراوانی نسبی (۱۸ درصد) در بین جمعیت در حال تفرق مربوط به ژنوتیپ‌هایی است که روز تا برداشت آنها در حدود ۱۰۶ تا ۱۰۸ روز و تمرکز رسیدگی (بیش از ۸۸ درصد محصول) بین روزهای ۹۶ تا ۱۰۸ روز از تاریخ کاشت محصول بود (شکل ۱). با توجه به پراکنش داده‌ها در اطراف والدین نزدیک به ۳۷ درصد از ژنوتیپ‌ها از این نظر تفکیک متجاوز مثبت و ناکارآمد نشان دادند و ۱۶ درصد آنها فنوتیپ‌های مفید و زودرس بودند.

### فراوانی صفات کیفی در والدین و نسل‌های اول و دوم پس از تلاقی

**عادت رشد رویشی -** بوته‌های والد سمسوری حالت کپه‌ای و شاخ و برگ افراشته داشتند ولی بوته‌های والد گالیا دارای رشد رونده و گستردگی متوسطی بودند. تقریباً ۷۰ درصد بوته‌های نسل اول دارای گستردگی زیاد از نوع ۴ و ۳۰ درصد از نوع رشد رویشی متوسط بودند درحالی‌که در جمعیت F2 نزدیک به ۳ درصد بوته‌ها دارای رشد رویشی خیلی زیاد از نوع ۵ بودند و حدود ۳ درصد نیز رشد رویشی خیلی کم داشتند (شکل ۲). ضمن اینکه ۶۴ درصد ژنوتیپ‌ها در جمعیت F2 دارای عادت رشد رویشی متوسط بودند.

**فرم بوته -** در ارتباط با فرم بوته نتایج نشان داد ۵۰ درصد بوته‌های نسل F1 دارای فرم بوته از نوع گالیایی و شبیه والد گالیا (رونده) و ۵۰ درصد دارای فرم بوته شبیه به والد سمسوری (ساقه بالارونده و دارای تیپ بوش و کپه‌ای) بودند. در جمعیت NGF2 بیش از ۵۰ درصد بوته‌ها دارای فرم گالیایی و بیش از ۳۰ درصد بوته‌ها دارای فرم بینابین و بیش از ۱۵ درصد دارای فرم شبیه والد ایرانی بودند.

**رنگ پوست و گوشت میوه -** در جمعیت NGF2 اکثر میوه‌ها دارای رنگ پوست کرمی (۳۷ درصد زرد، ۷ درصد سبز، ۷ درصد سفید و ۴۹ درصد زرد کرمی) بودند (شکل ۲). بنابراین در نتاج نسل اول رنگ پوست ۸۰ درصد میوه‌ها کرمی مایل به زرد در جمعیت در حال تفکیک F2 بیش از ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای رنگ پوست زرد بودند. در جمعیت F2 تقریباً ۴۶ درصد دارای گوشت سبز کمرنگ مایل به سفید، ۴۱ درصد گوشت کاملاً سبز و ۱۴ درصد دارای گوشت سفید بودند و هیچ میوه‌ای با گوشت نارنجی در نسل F2 مشاهده نشد (شکل ۲).

شبکه و خطوط و رگه‌های روی پوست میوه - با توجه به نتایج، ۸۳ درصد میوه‌های والدی سمسوری و ۳۳ درصد بوته‌های والد گالیا کاملاً مشبک و بقیه بوته‌ها، دارای شبکه متوسط بودند (شکل ۲). تمامی بوته‌های  $F_1$  و همچنین ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها در جمعیت  $F_2$  کاملاً مشبک بودند و تنها ۱ درصد ژنوتیپ‌ها دارای پوست صاف و بدون شبکه بودند. در نسل  $F_1$  همه میوه‌ها بدون خط و برخی دارای خطوط کمرنگ بودند. نتایج نشان داد ۶۵ درصد ژنوتیپ‌های نسل  $F_2$  دارای پوست بدون خط و ۳۵ درصد دارای خطوط واضح یا کمرنگ بودند.

**سفتی و ضخامت پوست -** در هر دو جمعیت  $F_1$ ،  $F_2$  و والد‌ها و در اکثر ژنوتیپ‌ها و بوته‌ها پوست میوه با فراوانی نسبی خیلی بالا و از نوع متوسط تا سفت مشاهده شد؛ بطوری‌که بیش از ۸۰ درصد بوته‌های نسل  $F_1$  دارای پوست میوه سفت بودند و تفکیک و تنوع ژنوتیپ‌ها در نسل  $F_2$  نشان داد ۹ و ۶۷ درصد ژنوتیپ‌ها دارای فراوانی نسبی به ترتیب از نوع پوست نرم و سفت بودند. با توجه به نتایج، فراوانی بوته‌های با ضخامت پوست متوسط در دو والدی گالیا و سمسوری به ترتیب ۸۳ و ۶۷ درصد بود همچنین نتایج نشان داد (شکل ۲) بیش از ۸۰ و ۹۴ درصد ژنوتیپ‌ها به ترتیب در نسل  $F_1$  و در جمعیت در حال تفکیک  $F_2$  دارای میوه‌هایی با ضخامت پوست کم با رتبه ۱ بودند.

## بحث

### آماره‌های توصیفی صفات کمی و کیفی و همبستگی صفات کمی

کمتر بودن واریانس محیطی نسبت به واریانس فنوتیپی در نسل  $F_2$  در بحث آماره‌های توصیفی صفات کمی و کیفی نسل‌ها، نشان دهنده بالا بودن واریانس ژنتیکی و در نتیجه وراثت‌پذیری بالای صفات کمی بویژه وزن، طول، عرض و قند میوه می‌باشد (جدول ۱). همان‌طور که مشاهده شد وراثت‌پذیری صفات کمی بالای ۹۰ درصد برآورد شده است که نشان می‌دهد این صفات بشدت تحت تاثیر عملکرد ژن‌ها هستند. اگرچه وراثت‌پذیری عمومی به خوبی وراثت‌پذیری خصوصی نمی‌تواند سهم ژنتیکی تنوع را مشخص نماید، اما بالا بودن میزان آن، معرف وجود داشتن پتانسیل بالا، برای انتقال صفات، از والدین به نتاج، و سرعت پیشرفت تحت گزینش، به دنبال تلاقی ژنوتیپ‌های انتخابی از این جمعیت و تولید لینه‌های خالص در آینده می‌باشد. ضمن این‌که مقدار وراثت‌پذیری تحت تاثیر شرایط محیطی در برگزیده افراد تحت بررسی، جمعیت مورد مطالعه و نوع صفت بوده و در یک جمعیت معین به دست آمده است و خیلی قابل تعمیم به جمعیت‌های دیگر نیست. در ارتباط با میانگین صفات کمی و مقایسه آنها در نسل‌های والدی،  $F_1$  و  $F_2$  نتایج در ارتباط با وزن میوه با نتایج زالاپا و همکاران (Zalapa *et al.*, 2006, 2008) مطابقت داشت که آنها نشان دادند اثرات ژنی غالبیت و اپیستازی در کنترل صفات روز تا گلدهی، وزن میوه در هر بوته و میانگین وزن میوه حائز اهمیت بیشتری بودند؛ ولی در تضاد با یافته‌های فیضیان و همکاران (Feyzian *et al.*, 2009b) بود؛ و به نظر می‌رسد در ارتباط با ضخامت گوشت با نتایج محمدی و همکاران (Mohammadyi *et al.*, 2014a,b) مطابقت داشت که نشان دادند اثرهای افزایشی ژنی در توجیه تنوع ژنتیکی صفات زودرسی، میانگین وزن میوه و ضخامت گوشت مهم تر بودند در حالی‌که اثرهای غیرافزایشی ژنی در کنترل صفات تعداد میوه و عملکرد اهمیت بیشتری داشتند. نتایج آنها همچنین نشان داد برای صفات تعداد میوه و عملکرد، تولید هیبرید به منظور بهره‌مندی بیشتر از اثر

غیرافزایشی ژن‌ها از اولویت بیشتری برخوردار است، حال آن‌که برای بهبود ژنتیکی صفات زودرسی و ضخامت گوشت‌گزینش مطلوب‌تر است. همچنین از گزینش مبتنی بر آزمون نتاج می‌توان جهت اصلاح میانگین وزن میوه در طالبی استفاده نمود. نتایج این پژوهش برای روز تا رسیدن میوه مطابق با نتایج فیضیان و همکاران (Feyzian *et al.*, 2009a) و در تضاد با نتایج کالب و دیویس (Kalb and Davis., 1984b) بود. کاهش در میزان صفات کیفی، مانند میزان آلوده شدن به ویروس و بیماری در نسل F<sub>2</sub> نسبت به نسل F<sub>1</sub> و همچنین نسبت به والدین، مصداق تفکیک متجاوز منفی ولی کارآمد خواهد بود و به پیشرفت گزینش کمک خواهد کرد. بنابراین کاهش در میزان این صفات و گزینش ژنوتیپ‌های برتر طی نسل‌های متمادی تا رسیدن به خلوص ژنتیکی و ایجاد لاین‌های پیشرفته و خالص، مطلوب و پسندیده خواهد بود.

ضرایب همبستگی فنوتیپی پیرسون، مبتنی بر کواریانس دو متغیر کمی و انحراف معیار آنها تنظیم شده است. اطلاع از همبستگی صفات به عنوان بخشی از اولویت‌های ارتقاء سطح کمی تولیدات باغبانی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. با توجه به همبستگی‌های مثبت و معنی‌دار بین وزن میوه و دیگر صفات کمی، این نتایج مطابق با یافته‌های نارویی‌راد و همکاران (Naroui Rad *et al.*, 2014) می‌باشد که در پژوهشی پیرامون ارتباط میان صفات مرتبط با عملکرد در ۴۹ ژنوتیپ ملون نشان دادند که ارتباط مثبت و معنی‌دار بین عملکرد و وزن میوه و قطر گوشت وجود دارد. صفاتی مانند طول، عرض، اندازه حفره بذری، روز تا برداشت میوه و ضخامت گوشت میوه با یکدیگر ارتباط مثبت و معنی‌دار در سطح ۵ و ۱ درصد داشتند. بیشترین همبستگی را دو صفت وزن میوه و قطر میوه (\*\*۰/۹۰۸) داشتند. ناتناکومار و همکاران (Nanthakumar *et al.*, 2021) در بررسی تجزیه مسیر روی شش والد طالبی و ۳۰ نتاج F<sub>1</sub> آنها نشان دادند عملکرد میوه در بوته با وزن میوه، قطر میوه، طول میوه و ضخامت گوشت همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت.

### تفکیک متجاوز صفات کمی

گاهی هنگام دورگ‌گیری در صفات کمی به دلیل وقوع پدیده تفکیک متجاوز در نسل F<sub>2</sub> و دیگر نسل‌های در حال تفرق فنوتیپ‌هایی مشاهده می‌شود که خارج از محدوده والدین خود هستند که می‌توان این تفکیک یافته‌ها را از طریق گزینش و خودگشنی تثبیت کرد. وجود این تفکیک یافته‌ها به موضوع تفکیک متجاوز اشاره می‌کند که طبق مطالعات ژنتیک کلاسیک و کیو تی ال، عمل مکمل ژن‌ها را مهمترین دلیل وقوع پدیده مذکور می‌دانند. وقوع پدیده تفکیک متجاوز ناشی از پلی‌ژنیک بودن صفت است به نحوی که بنظر می‌رسد والدین آل‌های متفاوتی را به منظور بیان یک صفت به اشتراک می‌گذارند (Rieseberg *et al.* 1999). بدیهی است که برای وقوع این پدیده، باید اثر ژن‌های کنترل‌کننده یک صفت در لوکوس‌های مختلف در هر تلاقی به صورت افزایشی باشد (Upadhyaya, *et al.* 2011)، چه بسا شناسایی QTL‌های با اثرات افزایشی کوچک در ارتباط با این صفات کمی این موضوع را تایید می‌کند. در جمعیت مورد بررسی NGF<sub>2</sub>، برای تمام صفات کمی تفکیک متجاوز مثبت و منفی به ترتیب نسبت به والد با ارزش بیشتر و کمتر و برای قطر حفره بذری، تاریخ رسیدگی، شدت بیماری و کنه، شیارها و شبکه‌های روی پوست و سفتی و ضخامت پوست پسروی ژنتیکی در نسل F<sub>2</sub> نسبت به نسل F<sub>1</sub> مشاهده شد. در این جمعیت پسروی ژنتیکی منفی و کارآمد برای آلودگی ویروس‌ها

و کاهش در عادت رشد رویشی و گسترش بوته‌ها بیشتر، و برای قطر حفره بذری، میزان مواد جامد محلول، بوته‌میری و میزان شبکه پوست کمتر بود.

وزن میوه به عنوان مهمترین عامل موثر در عملکرد محسوب می‌شود. با توجه به نتایج (نمودار ۱ و جدول ۱) بیش از ۸۵ درصد ژنوتیپ‌های این نسل دارای فنوتیپ‌های خارج از محدوده والدین بودند؛ که با بررسی این فنوتیپ‌ها از نظر سایر صفات، می‌توان آنها را گزینش و با خودگشنی تثبیت کرد. تفکیک یافته‌های متجاوز در هیبریدهای ناشی از تلاقی‌های بین گونه‌ای در صورت داشتن سطح پلوییدی شبیه به خویشاوندان وحشی خود می‌تواند روش مؤثری برای بهره‌برداری از ژن‌های مطلوب آنها جهت افزایش سطح عملکرد محسوب شوند. برای کنترل ژنتیکی وزن میوه در لاین‌های دابل‌هاپلوئید و نسل دوم تلاقی بین Piel-de-Sapo × PI161375، ۶ جایگاه QTL (Monforte *et al.*, 2004) و در مطالعه دیگری در لاین‌های ایزوژنیک (NILs) آنها ۱۱ QTL (Eduardo *et al.*, 2007) گزارش شده است.

بر اساس نتایج، تفکیک متجاوز مثبت و منفی برای طول و عرض میوه و نسبت این دو (شاخص شکل میوه) به وقوع پیوسته است (جدول ۱). با توجه به مقدار عددی شاخص شکل میوه در نسل‌های والدی و  $F_1$  و  $F_2$  بنظر می‌رسد شکل غالب میوه‌ها کاملاً گرد نبود و تمایل به حالت بیضوی و تخم مرغی داشت اگرچه این حالت با چشم به راحتی قابل مشاهده نبود؛ این نتایج با گزارش وال (Wall, 1967) مطابقت داشت، که نشان دادند شکل بیضوی میوه نسبت به شکل گرد آن تحت کنترل ژنتیکی آلل غالب O می‌باشد. در مطالعه‌ای ۱۱ جایگاه QTL برای کنترل طول میوه، ۱۰ QTL برای عرض میوه و ۱۵ QTL برای نسبت طول به عرض میوه در در لاین‌های ایزوژنیک تلاقی بین Piel-de-sapo و PI161375 شناسایی شدند (Eduardo *et al.*, 2007). کایاک و ترکمن (Kayak and Türkmen, 2022) در گزارشی روی ثبت ویژگی‌های مورفولوژیکی لاین‌های خربزه، نشان دادند شکل میوه‌ها ۷۴/۶ درصد گرد، ۱۸ درصد بیضوی و ۳/۰۱ درصد پهن بودند.

در ارتباط با قطر حفره بذری میوه، به عنوان یک صفت مهم در طالبی، انتخاب تفکیک یافته‌های متجاوز، در پایین دست والد با ارزش کمتر، مد نظر می‌باشد. با توجه به پراکنش داده در اطراف والدین، در شکل ۱، ۱۶ درصد از نتایج، دارای تفکیک متجاوز منفی بودند که باید از بین آنها گزینش صورت پذیرد. پراکنندگی داده‌ها در اطراف والدین نشان دهنده وجود تفکیک یافته‌هایی است که آلل‌های افزایش دهنده بروز این صفت کمی، نه تنها از والد برتر، بلکه از والد ضعیف‌تر نیز به آنها منتقل شده و به دلیل تجمع آل‌های غالب با تأثیرات مشابه از لوکوس‌های مختلف این پدیده آشکار، و به تولید این فنوتیپ‌های برتر از والدین منجر شده است (Saadalla *et al.* 1990). بر اساس یافته‌های قبلی تک ژن غالب Ec برای کنترل وجود حفره‌های توخالی در میوه بالغ گزارش شده است که این ژن در گروه لینکاژی III نیز نقشه برداری شده است (Perin *et al.*, 1999).

در ارتباط با ضخامت گوشت میوه، بیش از ۶۰ درصد ژنوتیپ‌ها نسبت به والدین تفکیک متجاوز نشان دادند. در این جمعیت برترین تفکیک یافته متجاوز آنهایی هستند که حاوی تعداد آل‌های مطلوب بیشتری نسبت به والد برتر خود بودند و آل‌های مطلوب را هم از والد برتر و هم از والد ضعیف‌تر خود دریافت کرده‌اند. مواد جامد محلول میوه (TSS) هم به عنوان مبنایی برای سنجش میزان قند میوه، در کنار بافت گوشت میوه،

مهمترین عامل در طعم میوه بشمار می‌رود. با توجه به نتایج، تنها ۱۸ درصد ژنوتیپ‌ها نسبت به والد برتر، برتری داشتند. بنابراین به نظر می‌رسد نزدیک به ۲۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای TSS بالا بودند و گزینش تفکیک یافته‌هایی با این ویژگی، به شرط داشتن دیگر مشخصات مطلوب مورد ارزیابی، به تنوع ژنتیکی جامعه طالبی و خربزه کشور کمک شایانی خواهد کرد. بر اساس تحقیقات متعدد طی سال‌های اخیر، تعداد زیادی جایگاه QTL برای کنترل مواد جامد محلول کل میوه طالبی و خربزه در تلاقی‌های متعدد گزارش و اعلام شده است (Harel-Beja *et al.*, 2010; Obando-Ulloa *et al.*, 2009).

روز تا برداشت میوه به عنوان شاخص رسیدگی و یکی از عوامل موثر در افزایش عملکرد و سود و زیان اقتصادی آن، مبنای زودرسی یا دیررسی ژنوتیپ‌ها به شمار می‌رود. با توجه به پراکنش ژنوتیپ‌ها در اطراف والدین، فقط ۱۶ درصد آنها فنوتیپ‌های مفید و زودرس بودند که گزینش برای زودرسی، باید از بین ژنوتیپ‌های تفکیک یافته مذکور بر اساس صفات مهم اقتصادی صورت گیرد. تحقیقات نشان دهنده نقش ژن‌های کوچک اثر در کنترل تغییرات کمی زودرسی میوه می‌باشد. مونفورته و همکاران (Monforte *et al.*, 2004) ۹ QTL و کوواز و همکاران (Cuevas *et al.*, 2009) ۳ QTL برای زودرسی میوه بالغ گزارش کردند. دال و همکاران (Dal *et al.*, 2016) طی یک گزارش کلی روی تنوع ژنتیکی ۶۸ ژنوتیپ خربزه، نشان دادند متوسط طول بوته، وزن میوه، ضخامت گوشت میوه، ضخامت پوست میوه و محتوای جامد محلول کل آنها به ترتیب برابر ۷۷/۳۱ سانتی متر ۶۷۳/۲۹ گرم، ۱۲/۶۶ میلی‌متر، ۶/۶۸ میلی‌متر و ۶/۹۸ درصد بوده است.

### فراوانی صفات کیفی در والدین و نسل‌های اول و دوم پس از تلاقی

از نظر عادت رشد رویشی بوته‌های نسل  $F_2$  مورد بررسی قرار گرفتند (شکل ۲). با توجه به نتایج (وجود ۶۴ درصد عادت رشد رویشی متوسط) و این‌که بوته‌های والد سمسوری حالت کپه‌ای و شاخ و برگ افراشته داشتند ولی بوته‌های والد گالیا دارای رشد رونده و گسترده‌گی متوسط بوده و گسترده‌گی بیشتری نسبت به والد سمسوری داشتند؛ ژنوتیپ‌های تفکیک یافته متعددی در بین جمعیت نسل  $F_2$  مشاهده شد که به نظر می‌رسد این بوته‌ها عمدتاً با تمایل به والد مادری گالیا و دارای گسترده‌گی بیشتری هستند؛ بنابراین گزینش بوته‌هایی با عادت رشد نسبتاً گسترده، بشرط داشتن تراکم برگ‌ها در قسمت وسط بوته، نسبت به بوته‌های افراشته و ترد، جهت جلوگیری از آفتاب سوختگی میوه‌ها، مطلوب‌تر می‌باشد. هرچند انتخاب ژنوتیپ‌ها دارای حد واسط فرم افراشته و رونده، مطلوب‌تر خواهد بود. بنابه گزارش‌های تحقیقاتی گذشته، ژن مغلوب یا نیمه غالب slb، برای کنترل تشکیل شاخه‌های جانبی کوتاه<sup>۱</sup> (کاهش طول شاخه‌های جانبی) در ملون وحشی روسی به نام LB-1 توصیف و گزارش شده است (Ohara *et al.*, 2001). همچنین گزارشی مبنی بر وجود لوکوس‌های صفات کمی در کنترل معماری و رشد ریشه گیاه توسط فیتا و همکاران (Fita *et al.*, 2008) وجود دارد که بر اساس آن ۱۷ QTL برای صفات مرتبط شناسایی شده است.

در ارتباط با فرم بوته، با توجه به نتایج، و این که تک ژن مغلوب<sup>۱</sup> lmi باعث کنترل طولانی بودن محور زیر لپه و طولانی بودن میانگره (۲۰ سانتی متر) در ساقه اصلی شده است، اما بر طول میانگره‌های ساقه جانبی نمونه موثر نبوده است (McCreight, 1983). همچنین سه ژن مغلوب و مستقل Si1, Si2 و Si3 که جهت کنترل کوتاه بودن میانگره‌های ساقه گزارش شده‌اند؛ در سه لاین مستقل از هم، به ترتیب باعث ایجاد عادت رشد بیش از اندازه فشرده بودن (تیپ بوش) با میانگره حدود ۱ سانتی متر در UC Topmkar Bush، ایجاد تیپ آشیانه پرند<sup>۲</sup> با رشد کمتر از یک سانتی متر در ملون ایرانی 202 و همچنین ایجاد میانگره کوتاه در طول مراحل رشد و پاکوتاهی در لاین مستقل دیگر شده‌اند (Knavel, 1990). فرم افراشته بوته در والد سمسوری نسبت به حالت رونده در والد گالیا کاملاً مشهود می‌باشد؛ به نظر می‌رسد تمایل بیشتر بوته به گسترش اندام‌های رویشی و ایجاد حالت رونده در والد گالیا به علت عدم حضور ژن‌های کنترل کننده کاهش طول میانگره نسبت به حالت رشد کپه‌ای<sup>۳</sup> در والد سمسوری بوده است.

رنگ پوست میوه در ملون‌ها بر اساس ترکیب سه رنگدانه کلروفیل، کارتنوئید و نارینجین-چالکول<sup>۴</sup> مشخص می‌شود که کنترل پلی‌ژنیک دارد. رنگدانه‌های فلاونوئیدی مسئول رنگ زرد میوه‌های بالغ در ملون نوع زرد فناری رنگ هستند (Tadmor *et al.*, 2010). تجمع نارینجین-چالکول به عنوان یک صفت غالب مونوژنیک به ارث می‌رسد و *Chl* و *Car* دو ژن پیوسته هستند که تجمع کلروفیل و کارتنوئید را در پوست میوه رسیده کنترل می‌کنند. 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 بر اساس برخی گزارش‌ها، ژن‌های کوچک اثر احتمالاً تغییرات کمی تجمع این رنگدانه‌ها را کنترل می‌کنند. به طوری که جهت کنترل رنگ پوست میوه در لاین‌های ایزوژنیک (NILs) حاصل از تلاقی *Peal-de-sapo* × *PI161375*، ۱۳ QTL برای رنگ پوست و ۱۲ QTL برای رنگ زمینه میوه با استفاده از سه رنگ جزء گزارش شده است (Obando *et al.*, 2008). با توجه به این که در این پژوهش والد گالیا دارای پوست زرد رنگ و والد سمسوری دارای رنگ پوست سبز مایل به کرمی بودند؛ در نتایج نسل اول رنگ پوست ۸۰ درصد میوه‌ها کرمی مایل به زرد و در جمعیت در حال تفکیک F2 بیش از ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای رنگ پوست زرد بودند و این نتایج دور از انتظار نبود. دال و همکاران (Dal *et al.* 2016) در مطالعه‌ای بر روی ۶۸ ژنوتیپ طالبی و خربزه نشان دادند رنگ پوست میوه در ۹/۴ درصد ژنوتیپ‌ها، سبز روشن، در ۴۵/۲ درصد به صورت سبز، در ۴۱/۵ درصد قهوه‌ای، در ۱/۸ درصد به صورت زرد روشن و در ۱/۸ درصد از ژنوتیپ‌ها سبز سیاه بود.

در ارتباط با رنگ گوشت میوه، با توجه به این که والدهای گالیا و سمسوری هر دو دارای گوشت میوه سبز رنگ بودند و هیچکدام دارای گوشت نارنجی نبودند و از طرف دیگر، مزوکارپ سبز (*gf*) و سفید (*wf*) نسبت به نارنجی مغلوب هستند و اثر متقابل اپیستازی دارند (Clayberg 1992). از این رو هم در نسل F1 و هم جمعیت F2 میوه‌ها عمدتاً دارای گوشت سبز رنگ بودند. در جمعیت F2 عمدتاً (۸۰ درصد) دارای رنگ گوشت سبز و

<sup>1</sup> Long main stem internode

2- Birdnest

3- Bush

<sup>4</sup> Naringenin-chalcone

هیچ میوه‌ای با گوشت نارنجی در نسل F<sub>2</sub> مشاهده نشد (شکل ۲). بر اساس یافته‌های هارل-بجا و همکاران (Harel-Beja *et al.*, 2010) ۳ QTL برای رنگ گوشت در تلاقی PI 414723 × Dulce (RI) و بر اساس گزارش اوباندو و همکاران (Obando *et al.*, 2008) ۱۶ QTL برای رنگ گوشت و ۱۰ QTL برای رنگ آب میوه با استفاده از سه رنگ جزء در تلاقی Peal-de-sapo × PI161375 (NILs) توصیف شده است

شبکه چوب پنبه‌ای روی پوست میوه به دلیل کاهش آسیب دیدن و بهبود قابلیت نگهداری و حمل و نقل میوه دارای اهمیت زیادی است؛ از این رو به عنوان یک ویژگی مهم در نسل‌های والدی و F<sub>1</sub> و F<sub>2</sub> مورد توجه ویژه قرار گرفت. با توجه به نتایج (شکل ۲)، و اینکه تک ژن غالب *Rn*، برای کنترل توسعه شبکه روی پوست، صرف نظر از درجه شبکه‌ای بودن، در لاین BIZ (کانتالپ تجاری اسرائیلی) و *m* در PI414723 (پوست صاف) گزارش شده است (Herman *et al.*, 2008)؛ بنابراین کنترل ژنتیکی صفت مشبک بودن میوه، تحت غالبیت ژن هاست و ظهور ۸۰ درصد میوه مشبک در نسل تفکیک F<sub>2</sub> مطابق با نسبت مندلی نسبت ۳ به ۱ قابل انتظار بود. با این توصیف، گزینش ژنوتیپ‌های هموزیگوس یا هتروزایگوس مشبک به شرط داشتن دیگر صفات مطلوب و اقتصادی در نسل F<sub>2</sub> و تثبیت آن در نسل‌های بالاتر منجر به ایجاد لاین‌های مطلوب مورد نظر و مشبک خواهد شد. بر اساس گزارش کایاک و ترکمن (Kayak and Türkmen, 2022)، الگوی رنگ پوست در تمامی ژنوتیپ‌ها، ۹/۶ درصد بدون خال و ۸۴/۹ درصد خالدار برآورد شد. سطح میوه ۱/۸ درصد مواج، ۵۹/۶ درصد دارای چین و چروک‌های ریز و ۳۵/۵ درصد صاف در تمامی ژنوتیپ‌ها تعیین شد.

با توجه به اینکه تک ژن *st-2* کنترل کننده خطوط و رگه‌های روی پوست میوه و نسبت به اپیکارپ و پوست غیر راه راه مغلوب می‌باشد (Danin-poleg *et al.*, 2002) و همچنین با در نظر گرفتن بدون خط بودن والد گالیا و خطدار بودن والد سمسوری، حضور ۶۵ درصد ژنوتیپ‌های نسل F<sub>2</sub> دارای پوست بدون خط و ۳۵ درصد دارای خطوط واضح یا کمرنگ دور از انتظار نبود و تا حدودی با نسبت‌های ۳ به ۱ تطابق داشت. ضمن این که ژن‌های کوچک اثر دیگری نیز در بروز این صفت نقش دارند. جهت کنترل ژنتیکی حالت راه راه روی پوست میوه ۳ QTL توسط هارل-بجا (Harel-Beja *et al.*, 2010)، در تلاقی PI414723 × Dulce (RI) توصیف و گزارش شده است.

سفتی و ضخامت پوست به عنوان دو معیار اصلی نقش مهمی در افزایش عمر پس از برداشت و بازارپسندی میوه ایفا می‌کنند. با توجه به نتایج، دو والد سمسوری و گالیا دارای سفتی نسبتاً بالا و ضخامت پوست در حد کم تا متوسط بودند؛ و بوته‌های نسل F<sub>2</sub> نیز عمدتاً دارای سفتی متوسط تا زیاد و ضخامت کم تا متوسط بودند؛ بر اساس تحقیقات گذشته طالبی رقم سمسوری دارای سفتی پوست و عمر پس از برداشت پایینی است (Jarhani *et al.* 2021; Poyesh *et al.*, 2017) ضمن این که این دو ویژگی در رقم گالیا در حد متوسط و بالاتر بودند. بر اساس گزارش هارل-بجا و همکاران (Harel-Beja *et al.*, 2010)، ۲ QTL برای کنترل سفتی پوست میوه در تلاقی PI414723 × Dulce (RI) و همچنین ۵ QTL برای سفتی گوشت میوه در تلاقی Peal-de-sapo × PI161375 (NILs) توسط مورنو و همکاران (Moreno *et al.*, 2008) توصیف شده است.

نتیجه‌گیری کلی

روش اساسی برای اصلاح ارقام جدید، استفاده از والدین مناسب به منظور هیبریداسیون، ایجاد تنوع ژنتیکی گسترده و انتخاب گیاهان با خصوصیات مطلوب هر دو والد می باشد. نتایج این مطالعه نشان داد ارقام وارداتی، منابع ژنتیکی خیلی خوبی جهت تلاقی با ارقام بومی جهت افزایش تنوع و بهبود ارقام بومی به ویژه از لحاظ مقاومت و تحمل به بیماری‌ها هستند. رتبه بندی بوته‌ها در جمعیت بزرگ نسل دوم از لحاظ میزان الودگی به عوامل بیماری‌زای مهم در مزرعه نشان داد استفاده از گزینش طبیعی در یک برنامه اصلاحی کاربردی، دست‌کم برای شناسایی و حذف ژنوتیپ‌های حساس با ارزش و مفید می‌باشد. البته ضروری است مقاومت لاین‌های گزینش شده به عوامل بیماری‌زای رایج و مهم (مانند فوزاریوم و ماکروفومینا) در نسل‌های پیشرفته که تعداد گیاهان محدود و مقاومت آنها تثبیت می‌گردد، با آلوده سازی مصنوعی در شرایط گلخانه و آزمایشگاه بطور دقیق بررسی شوند.

همه صفات کمی در جمعیت  $F_2$  دارای وراثت‌پذیری عمومی بالای ۹۰ درصد بودند که نشان می‌دهد انتخاب در نسل‌های اولیه قابل اعتماد و موفقیت آمیز خواهد بود و بهتر است گزینش ژنوتیپ‌های برتر در جمعیت  $F_2$  بر اساس وزن میوه (دارای بازده ژنتیکی بالا)، مواد جامد محلول و روز تا رسیدگی میوه صورت گیرد. همچنین با توجه به این که ژنوتیپ‌های تفکیک یافته متجاوز و مطلوب زیادی در جمعیت  $F_2$  یافت شد، می‌توان با مدیریت بوته‌های منتخب به روش شجره‌ای، در نهایت به لاین‌هایی دست یافت که صفات مطلوب هر دو والد را داشته باشند. لاین‌های به دست آمده جهت تولید بذر هیبرید تجاری استفاده شده یا بعد از چند نسل به صورت یک رقم آزاد کرده افشان در اختیار کشاورزان قرار خواهند گرفت.

## منابع

- 1- Adib, F. Y., Wiko, A. W., and Budi, S. D. 2022. Genetic stability of melon (*Cucumis melo* L. cv. Meloni) based on inter-simple sequence repeat and phenotypic characteristics. *Biodiversitas*, 23(6):3042-3049.
- 2- Anam, R., Shailesh, M., and Vijay, B. 2022. DUS Characterization in snap melon landraces of vindhayan region of eastern U. P. Indian as per Muskmelon on PPV and FRA guidelines. *Plant Archives*, 22(2): 322-326.
- 3- Choudhary, B. R., Pandey, S., Rao, E. S., and Sharma, S. K. 2015. DUS characterization of muskmelon (*Cucumis melo*) varieties. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 85(12):1597-1601.
- 4- Clayberg C.D. 1992. Interaction and linkage tests of flesh color genes in *Cucumis melo* L. *Cucurbit Genetics Cooperative Report* 15: 53.
- 5- Cuevas, H. E., Staub, J.E., Simon, P.W., and Zalapa, J. 2009. A consensus linkage map identifies genomic regions controlling fruit maturity and beta-carotene-associated flesh color in melon (*Cucumis melo* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 119: 741-756.
- 6- Dal, Y., Kayak, N., Kal, Ü., Seymen, M., and Türkmen, Ö. 2016. Yerel kavun (*Cucumis melo* L.) Genotiplerinin bazı morfolojik Özellikleri.11. *Sebze Tarımı Sempozyumu Ordu Üniversitesi*.
- 7- 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, shareok.org.



- 8- Danin-Poleg, Y., Tadmor, Y., Tzuri, G., Reis, N., Hirschberg, J., and 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.
- 9- Dorri P., Khavari-Khorasani S., Valizadeh M., and Taheri P. 2014. The study of inheritance and gene effects on yield and agronomic traits of early generations of genetic maize Dehghan (KSC400). *Plant Genetics Research*. 1(2): 33-42. (In Persian with English abstract).
- 10- Eduardo, I., Arus, P., Monforte, AJ., Obando, J., Fernandez-Trujillo, JP., Martinez, JA., Alarcon, AL., Alvarez, JM., and Van der Knaap, E. 2007. Estimating the genetic architecture of fruit quality traits in melon using a genomic library of near isogenic lines. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 132: 80-89.
- 11- Ehdaie B. 2008. *Plant breeding*. University of Tehran Press, p.589.
- 12- F.A.O. 2016. Biodiversity: Agricultural biodiversity in FAO. From: <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>.
- 13- F.A.O. 2019. FAOSTAT agricultural database. Available at: <http://apps.fao.org>.
- 14- Feyzian E., Dehghani H. Rezai A., and Jalali M. 2009b. Correlation and sequential path model for some yield related traits in Melon (*Cucumis melo* L.). *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 11: 341-353.
- 15- Feyzian E., Dehghani H., Rezai A. M., and Javaran M.J. 2009a. Diallel cross analysis for maturity and yield related traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Euphytica* 168 (2): 215-223. DOI: 10.1007/s10681-009-9904-9.
- 16- Fita, A., Pico, B., Monforte, AJ., and Nuez, F. 2008 . Genetics of root system architecture using near isogenic lines of melon. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 133: 448-458.
- 17- Gholizadeh-Roshanagh S. 2016. Genetic diversity of three viruses of cucumber mosaic, watermelon mosaic and squash yellow mosaic in Varamin melon and cantaloupe fields. MSc. thesis, University of Tehran, Aburaihan.
- 18- Harel-Beja, R., Tzuri, G., Portnoy, V., Lotan-Pompan, M., Lev, S., Cohen, S., Dai, N., Yeselson, L., Meir, A., Libhaber, SE., Avisar, E., Melame, T., Van Koert, P., Verbakel, H., Hofstede, R., Volpin, H., Oliver, M., Fougedoire, A., Stalh, C., Fauve, J., Copes, B., Fei, Z., Giovannoni, J., Ori, N., Lewinsohn, E., Sherman, A., Burger, J., Tadmor, Y., Schaffer, AA., and Katzir, N. 2010. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. *Theoretical and Applied Genetics*, 121: 511-533.
- 19- Herman R., Zvirin Z., Kovalski I., Freeman S., Denisov Y., Zuri G., Katzir N., Perl-Treves R., and Goodman E. 2008. Characterization of Fusarium race 1.2 resistance in melon and mapping of a major QTL for this trait near a fruit netting locus 1. *Proceeding of the IX eucarpia meeting on genetics and breeding of Cucurbitaceae*, 149 – 156.
- 20- Iathet C., and Piluek K. 2006. Heritability, heterosis and correlations of fruit characters and yield in Thai slicing melon (*Cucumis melo* L. var. *Conomon* makino). *Kasetsart Journal, Natural Sciences* 40(1): 20-25.
- 21- Jariani, P., Ramshini, H., Lotfi, M., Amini, F., Abtahi, H., and Ahmadv, R. 2021 . Development of cantaloupe (*Cucumis melo*) lines carrying Vat gene with favorable fruit traits. *Research square*, 15pp. (In Persian with English abstract).
- 22- Kalb T.J., and Davis D.W. 1984b. Evaluation of combining ability, heterosis, and genetic variance for yield, maturity, and plant characteristics in bush muskmelon. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 109(3): 416-419.

- 23- Kayak, N., and Türkmen, Ö. 2022. Revealing morphological variability in some S<sub>1</sub> level melon genotypes. *International Journal of Agricultural and Natural Sciences*. 15(1): 109-124.
- 24- Kerje T., and Grum M. 2000. The origin of melon, *Cucumis melo*: a review of the literature. *Acta Horticulture* 510, 37-44. DOI: 10.17660/ActaHortic.2000.510.5.
- 25- Kitroongruang N., Poo-Swang W., and Tokumasu S. 1992. Evaluation of combining ability, heterosis and genetic variance for plant growth and fruit quality characteristics in Thai-melon (*Cucumis melo* var. *acidulus* Naud.). *Scientia Horticulturae* 50(1): 79-87. DOI:10.1016/S0304-4238(05)80011-1.
- 26- Knavel, DE. 1990. Inheritance of a short-internode mutant of Mainstream muskmelon. *Hortscience*, 25: 1274-1275.
- 27- Kurosky, K., Kuhn, K., Luton, J., and Rosenberg, S. 2016. *Field Guide to Cucurbit Diseases Reference Guide to Cucumber, Melon, Pumpkin and Watermelon Diseases*. Translation by Alizadeh, M. (1th ed). Miyad Andisheh Publication, 246 p.
- 28- McCreight, JD. 1983. A long internode mutant in muskmelon. *Cucurbit Genetics Cooperative Rep.* 6: 45.
- 29- Mohammadi R., Dehghani H., and Karimzadeh G. 2014a. Graphic analysis of trait relations of cantaloupe using the Biplot method. *Journal of Plant Production* 21(4): 43-62. (In Persian with English abstract).
- 30- Mohammadi R., Dehghani H., Karimzadeh Q., Fani D., And Akrami M. 2014b. Investigation of the relationship between yield and its components in Iranian cantaloupe genotypes. *Iranian Journal of Horticultural Sciences*, 1 (45): 1-10. (In Persian with English abstract).
- 31- Monforte A.J., Eduardo I., Abad S., and Arus P. 2005. Inheritance mode of fruit traits in melon: Heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance. *Euphytica*. 144: 31-38. DOI: 10.1007/s10681-005-0201-y
- 32- Monforte AJ, Oliver, M., Gonzalo, MJ., Alvarez, JM., Dolcet-Sanjuan, R., and Arus, P. 2004. Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 108: 750-758.
- 33- Moreno, E., Obando, JM., Dos-Santos, N., Fernandez-Trujillo, JP., Monforte, AJ., and Garcia-Mas, J. 2008. Candidate genes and QTLs for fruit ripening and softening in melon. *Theoretical and Applied Genetics*, 116: 589-602.
- 34- Nanthakumar, S., Sankar, R. S. and Rameshkumar, D. 2021. Correlation and Path Analysis Studies on Yield and Yield Components in Musk Melon *Cucumis melo* L.). *International Journal of Plant and Soil Science*. 33(21): 130-136.
- 35- Naroui Rad, M., and Rafezi, R. 2020. Integrated genetic components and machine learning approaches for better selection of traits in breeding of melon under high tunnel cultivation condition. *Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology*, 21(37and 38):36-46.
- 36- Naroui-Rad M.R., Koohkan S., Fanaei H.R., and Khajedad M. 2014. Multivariate analysis to determine relationship between phenological traits with yield components in native melon population (*Cucumis melo*. L). *Scientific Journal of Crop Science*, 3(5): 48-55. (In Persian with English abstract).
- 37- Obando, J., Fernandez-Trujillo, JP., Martinez, JA., Alarcon, AL., Eduardo, I., Arus, P., and Monforte, AJ. 2008. Identification of melon fruit quality quantitative trait loci using near-isogenic lines. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 133: 139-151.
- 38- Obando-Ulloa, JM., Eduardo, I., Monforte, AJ., and Fernandez-Trujillo, JP. 2009. Identification of QTLs related to sugar and organic acid composition in melon using near-isogenic lines. *Scientia Horticulturae* 121: 425-433.

- 39- Ohara, T., Kojima, A., Wako, T., and Ishiuchi, D. 2001. Inheritance of suppressed-branching in melon and its association with some other morphological characters. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*, 70: 341-345.
- 40- Périn, C., Dogimont, C., Giovinazzo, N., Besombes, D., Guitton, L., Hagen, L., and Pitrat, M. 1999. Genetic control and linkages of some fruit characters in melon. *Cucurbit Genetics Cooperative Rep*, 22: 16-18.
- 41- Pistorale S.M., Abbott L.A., and Adriana A. 2008. Genetic diversity and broad sense heritability in tall wheatgrass (*Thinopyrum ponticum*). *Ciencia e Investigación Agraria*. 35: 213-218.
- 42- Pitrat, M. 2008. Melon In: Prohens, J. and Nuez, F. (Eds.). *Handbook of plant breeding-vegetables I*. Springer, New York, P: 283–316.
- 43- Pouyesh, A., Lotfi, M., Ramshini, H., Shamsitabar, A. and Armiyoun, E. 2017. Genetic analysis of yield and fruit traits in cantaloupe cultivars. *Plant Breed*, 136, 569–577, <https://doi.org/10.1111/pbr.12486>.
- 44- Rajitha Nair, S., and Kumar, S. 2021. Innovation in hybrid seed production of vegetable Crops, A review. *The Pharma Innovation Journal*, 10 (7): 1270-1275.
- 45- Rakhi, R., and Rajamony, L. 2005. Variability, heritability and genetic advance in landraces of culinary melon (*Cucumis melo* L.). *Journal of Tropical Agriculture*. 43 (1-2), 79-82.
- 46- Ramezani, F., H. Ramshini. M. Lotfi, S. M. M. Mortazavian, and S. Pourmombeini. 2020. SNP marker assisted selection for improving the sugar content in the cantaloupe. *Iranian Journal of Horticultural Science*, 51(1): 165-176.
- 47- Rieseberg L.H., Archer M.A., and Wayne R.K. 1999. Transgressive segregation, adaptation and speciation. *Heredity* 83: 363-372.
- 48- Robinson D.C., Comstock R.E. and Harvey P.H. 1955. Genetic variances in open pollinated corn. *Genetics*, 40: 45-60.
- 49- 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: 259-266.
- 50- Saadalla M.M., Shanahan J.F., and Quick J.S. 1990. Heat tolerance in winter wheat: I. hardening and genetic effects on membrane thermo stability. *Crop Science* 30:1243- 1247.
- 51- Shir Ali, A., Ramshini. H., and Sharezai A. 2015. Isolation and identification of fungi associated with cantaloupe and root rot in the southeast of Tehran province. Master thesis. Aburihan Campus, University of Tehran. *Field of plant pathology*, 248 p. (In Persian with English abstract).
- 52- Tadmor Y., Burger J., Yaakov I., Feder A., Libhaber S.E., Portnoy V., Meir A., Tzuri G., Sa'ar U., Rogachev I., Aharoni A., Abeliovich H., Schaffer A.A., Lewinsohn E., and Katzir N. 2010. Genetics of flavonoid, carotenoid, and chlorophyll pigments in melon fruit rinds. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 58: 10722-10728. DOI:10.1021/jf1021797.
- 53- Upadhyaya H.D., Sharma S., and Gowda L.L. 2011. Major genes with additive effects for seed size in kabuli chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Indian Academy of Sciences*, 90(3): 1-4.
- 54- Wall JR. 1967. Correlated inheritance of sex expression and fruit shape in *Cucumis*. *Euphytica*, 16: 199-208.
- 55- Zalapa J.E., Staub J.E., and McCreight J.D. 2006. Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. *Plant Breeding*, 125(5): 482-487. DOI:10.1111/j.1439-0523.2006.01273.x.
- 56- Zalapa J.E., Staub J.E., and McCreight J.D. 2008. Variance component analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. *Euphytica*, 162(1): 129-143. DOI:10.1007/s10681-007-9622-0.

57- Zhang Y., Kang M.S., and Lamkey K.R. 2005. DIALLELSAS05: a comprehensive program for Griffings and Gardner-Eberhart analyses. Agronomy Journal, 97: 1097- 1106.

مركز البحوث  
الزراعية  
والتجارية