بررسی تنوع ژنتیکی برخی از توده‌های بومی خربزه‌ئیان (ملون‌ها) در ایران با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی و مولکولی رپید

احسان فیضیان، مختار جلالی جواران، حمید دهقانی و حمید زامیاد[1]

چکیده

جمع آوری ژرم پلاسم اولین قدم در راه اصلاح گیاهان است. ایران به خاطر تمدن قدیمی ونیز داشتن اقلیم‌های مختلف یکی از مهم‌ترین مراکز تنوع ژنتیکی محسوب می‌شود. در این مطالعه سعی گردید که تنوع ژنتیکی ملون‌ها در استان‌های مرکزی و شمالی کشور در حد امکان جمع آوری و بررسی شود. برای بررسی تنوع ژنتیکی بذرهای جمع آوری شده از نشانگرهای مرفولوژیکی و مولکولی رپید استفاده گردید. در این مطالعه ۱۵ صفت کیفی و ۶ صفت کمی روی ۳۸ توده جمع آوری شده و نیز دریافت شده از بانک ژن گیاهی ایران واقع در کرج اندازه‌گیری شد. تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مرفولوژی از روش یو.پی.جی.ام.ای و ضریب جاکارد گروه‌های مختلف جنس *Cucumis melo* را از یکدیگر تفکیک نمود. ۳۰ توده انتخابی برای ارزیابی میزان تنوع و نیز میزان قرابت گروه‌های مختلف با استفاده از نشانگر رپید مورد ارزیابی قرار گرفتند. تکثیر مکان‌های ژنی با استفاده از ۱۰ آغازگر رپید انجام شد. درصد چند شکلی در این آزمایش ۱۹٪ تعیین شد. تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نشانگر مولکولی نتوانست گروه‌های مختلف را از یکدیگر متمایز کند که نشان می‌دهد ژنوم این گروه‌ها بسیار به هم نزدیک است. با این حال خیار چنبرهای مورد بررسی در یک گروه با فاصله نزدیکی از هم قرار گرفتند.

واژه‌های کلیدی: ملون (خربزه‌ئیان)، جمع آوری ژرم پلاسم، تنوع ژنتیکی، نشانگر مرفولوژی، نشانگر مولکولی رپید

مقدمه

خربزه، طالبی، گرمک، دستنبو و خیار چنبر گروه‌های مختلف از یک گونه هستند که با هم به راحتی تلاقی می‌یابند و انواع حد واسط آنها موجود می باشد و از کلمه ملون (Melon) به عنوان گروه‌های آنها استفاده می‌شود. ملون‌ها (خربزه‌ئیان) گیاهان باغی دگرگشن با اهمیت اقتصادی فراوان هستند که میزان دگرگشنی آنها به فعالیت حشرات بستگی دارد. ملون‌ها به خانواده Cucurbitaceae تعلق دارند (۷). جنس *Cucumis* شامل ۳۲ گونه است که ۱۳ گونه آن و از جمله *Cucumis melo* پایه کروموزومی n= ۱۲ دارند (۶). در مورد طبقه بندی ملون‌ها چارلز نادین (Charls Naudian) گیاه‌شناس فرانسوی بر اساس صفات رویشی و تنوع میوه این گونه را به ده گروه تقسیم بندی نمود (۱۳) که بعدها مانگر و رابینسون (۱۱) سیستم سه نامی را برای آن پیشنهاد دادند (برای مثال *Cucumis melo var. agrestis,Flexuosus,...*). از شناخته شده‌های این گروه‌ها در ایران می‌توان به گروه

۱. به ترتیب دانشجوی سابق دکتری، استادیاران و دانش آموخته (کارشناس ارشد) اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

Cantaloupensis که با عنوان طالبی شناخته می‌شود، گروه Inodorus با نام خربزه وگروه Flexousous با نام خیار چنبر اشاره نمود. منشأ ملون هنوز مورد بحث است، طبق نظر برخی از محققان جنوب غربی و مرکز آسیا یعنی کشورهای ترکیه، سوریه، ایران، افغانستان، شمال و مرکز هند، ماوراء قفقاز، تاجیکستان و ازبکستان مراکز اولیه ملون‌ها می‌باشند (۶). لیکن با توجه به توزیع ملون‌های وحشی در مونوگراف کیرکبراید (۷) به نظر می‌رسد آفریقا مرکز اولیه تنوع باشد و هند، ایران، افغانستان و چین مراکز ثانویه تنوع ملون باشند. سندهای تاریخی و بقایای باستانی نشان می‌دهد که ملون از سه هزار سال قبل در ایران کشت و کار می‌شده است (۱۳). در سال ۱۹۸۳ دو محقق ۲۵۰ مجموعه ملون را فهرست کردند و توصیف نامه‌ای برای ارزیابی تنوع ژنتیکی با استفاده از صفات مرفولوژیکی در ملون‌ها ارائه نمودند (۴). در تحقیقی به منظور بررسی تنوع ژنتیکی خربزه و طالبی‌های ایران، تعداد ۱۰۰ نمونه از خربزه‌های مناطق مختلف در قالب طرح لاتیس ساده ارزیابی گردید. در تجزیه خوشه‌ای پنج گروه تفکیک شدند. تنوع طالبی بیش از خربزه به نظر رسید، زیرا طالبی‌ها در چهار گروه قرار گرفتند، چون در صفات تعداد میوه و وزن میوه تنوع زیادی داشتند ولی خربزه در یک گروه متفاوت با چهار صفت متمایز قرار گرفت (۱). ارزیابی ذخایر ژنتیکی ملون در بلغارستان انجام شد که به طور کلی ۲۸۵ نمونه ملون از قسمت‌های مختلف بلغارستان جمع آوری گردید و تعداد ۱۵۹ نمونه خارجی نیز از طریق تبادلات با سایر مؤسسات به دست آمد. نمونه ۱۰۰تائی از این بذور برای صفات مهم اصلاحی مانند زودرسی، طعم و عطر، عملکرد و قابلیت انبارداری بررسی شدند (۸). تاکنون مطالعاتی نیز از طریق نشانگرهای مولکولی برای بررسی چند شکلی در ذخایر توارثی ملون به منظور بررسی ارتباط ژنتیکی انجام شده است. علاوه بر این از نشانگرهای مولکولی برای تهیه نقشه ژنتیکی استفاده شده است (۲، ۹ و۱۶). در ابتدا نشانگر آیزوزایم به کار گرفته شد (۱۵). در یک مطالعه، ارتباط ژنتیکی ۱۲۵ ملون اسپانیائی با استفاده از نشانگر رپید (۱۹ آغازگر) و ۲۲ صفت زراعی (کمی و کیفی) با ۷۲ نمونه مرجع از کشورهای مختلف مشخص گردید نمونه‌های اسپانیایی به خصوص نمونه‌های گروه Inodorus از نمونه‌های مرجع فاصله ژنتیکی زیادی داشتند. تنوع ژنتیکی در نمونه‌های با مبدأ آفریقا بیشترین و با مبدأ اسپانیا کمترین بود. سپس ۲۲ صفت زراعی (شامل کمّی و کیفی) و ۴۹ آغازگر رپید برای ارزیابی تنوع ژنتیکی نمونه‌های اسپانیا به کار گرفته شد. در حالی که طبقه بندی بر اساس صفات زراعی نمونه‌ها را به واریته‌های مختلف طبقه بندی نمود ولی نشانگر رپید طبقه بندی مناسبی را نه بر اساس منطقه پراکنش و نه بر اساس واریته‌های مختلف ارائه نداد. نتایج این تحقیق نشان داد که می‌توان از نمونه‌های ملون اسپانیا برای ارتقای پایه ژنتیکی ذخایر ژنتیکی کاسابا (Casaba) استفاده نمود (۱۰). در مطالعه‌ای از سه نشانگر مولکولی رپید، ای اف ال پی و آر اف ال پی برای اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی بین ۶ ژنوتیپ *Cucumis melo* L. استفاده شد. باندهای چند شکل رپید، ای اف ال پی و آر اف ال پی برای اندازه‌گیری تشابه ژنتیکی شمارش شد. آنالیز خوشه‌ای با استفاده از سه نشانگر ژنوتیپ‌ها را به دو گروه اصلی طبقه بندی نمود. گروه اول ملون‌های زراعی و شیرین بود و گروه دوم ملون‌های غیر زراعی بودند. هر سه نشانگر اطلاعات مناسبی در اختیار قرار دادند ولی نشانگر ای اف ال پی کارآمدترین نشانگر بود (۵).

هدف از انجام این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی بذرهای جمع‌آوری شده با استفاده از نشانگرهای مولکولی مبتنی بر دی ان ای و خصوصیات مرفولوژیکی بود که بر اساس آن توده‌های بومی مناسب برای انجام کارهای اصلاحی و تولید بذر هیبرید انتخاب شوند. هدف از ارزیابی با نشانگر رپید پاسخگویی به این سوال بود که آیا تنوع در صفات زراعی و بوتانیکی در ملون‌ها در سطح دی ان ای انعکاس یافته است و آیا ارقامی که از نظر مرفولوژیکی و فنوتیپی مشابه هستند از نظر ژنتیکی هم یکسانند. دیگر آن‌که آیا نشانگر مولکولی رپید قادر است که زیرگونه‌های مختلف جنس *Cucumis melo* را از یکدیگر متمایز سازد و آیا توده‌ها بر طبق منطقه پراکنش جغرافیایی تفکیک می‌گردند.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

جدول ۱. توده‌های جمع آوری شده، کد آنها در خوشه ترسیم شده و محل تهیه آنها

شماره	نام محلی توده بذری و کد آن در خوشه	محل گردآوری
(m1)	خربزه سوسکی	ایوانکی
(m2)	خربزه زرد گرمساری	گرمسار سمنان
(m3)	گرمک ایوانکی	ایوانکی
(m4)	خربزه آناناسی	کرمانشاه
(m5)	طالبی فیروزان	بانک ژن
(m6)	خربزه سبز مارتین	بانک ژن
(m7)	خربزه پوست زرد سدو فیروزان	بانک ژن
(m8)	خربزه برگردنی کرمان	بانک ژن
(m9)	چنبرشیراز	بانک ژن
(m10)	خربزه عموچی	سین و گرگاب اصفهان
(m11)	خربزه زرد جلالی	ایوانکی
(m12)	خربزه عباسقلی	بانک ژن
(m13)	خربزه پوست سبزخمینی شهر	بانک ژن
(m14)	خربزه نهاوند	نهاوند
(m15)	چنبر دستگرد	دستگرد اصفهان
(m16)	طالبی ساوه	ساوه
(m17)	خربزه گرگان۱	اطراف گرگان
(m18)	خربزه گرگاب	بانک ژن
(m19)	خربزه رشیدی	یزد
(m20)	خربزه یزدی۲	یزد
(m21)	خربزه یزدی۱	یزد
(m22)	گرمک اصفهان	دستگرد اصفهان
(m23)	طالبی ریش بابا	بادرود
(m24)	خربزه علی گنگه	بانک ژن
(m25)	دورگه خربزه طالبی	حبیب آباد اصفهان
(m26)	خربزه رباطی	ایوانکی
(m27)	خربزه زرد شتری	سین و گرگاب اصفهان
(m28)	خربزه کاشفی	سمنان
(m29)	خربزه لطیفه گرگاب	بانک ژن
(m30)	طالبی شاه آبادی	مرکز تحقیقات اصفهان
(m31)	خربزه توسرخه	سین و گرگاب اصفهان
(m32)	گرگه دیم	ایلام
(m33)	چنبرسنندج	بانک ژن
(m34)	خربزه تاشکندی	سمنان
(m35)	چنبر کردستان	بانک ژن
(m36)	چنبر مرکزی	بانک ژن
(m37)	خربزه شبیه کاسابا	بازار کرج
(m39)	طالبی حبیب آباد	حبیب آباد اصفهان
(m40)	خربزه مجدی	یزد

مواد و روش‌ها

در این مطالعه ۳۸ توده ملون از استان‌های مختلف کشور و نمونه‌هایی از بانک ژن گیاهی (جدول ۱) مورد بررسی قرار گرفتند. توده‌ها در مزرعه دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس واقع در اتوبان تهران- کرج در تاریخ ۱۳۸۳/۲/۱۵ کشت گردید. پشته‌هایی به عرض ۱/۲ متر ایجاد شد و بذرها با فاصله ۰/۴ متر از یکدیگر بر روی پشته کشت گردیدند. تعداد بوته‌های کشت شده در توده‌های جمع آوری شده ۳۰ بوته و در نمونه‌هایی که از بانک

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

ژن تهیه شدند ۷ بوته بود. به دلیل کمی بذر در نمونه‌های تهیه شده از بانک ژن انجام تحقیق در قالب طرح‌های آزمایشی تکرار مقدور نبود. ۵-۲ بذر درون هر گودال قرار داده شد که پس از برطرف گردیدن خطر سرما عملیات تنک انجام شد. عملیات سر برداری، هرس و گل گیری انجام شد و روی هر بوته دو میوه نگه داشته شد. کود ازته به صورت سرک یک ماه پس از کاشت به میزان ۱۵۰ کیلوگرم در هکتار استفاده شد و علاوه بر آن سه بار محلول پاشی با کود کنسایم حاوی عناصر نیتروژن، پتاسیم و فسفر و با نسبت دو در هزار انجام شد.

صفات مورد ارزیابی

ارزیابی صفات روی ده میوه از هر توده انجام شد. صفات اندازه گیری شده شامل صفات کمّی و صفات کیفی بودند. برخی از صفات دوره رویشی (مانند شکل و رنگ برگ) که در توصیف نامه ملون‌ها ارایه شده است به خاطر مشکل بودن ارزیابی اندازه‌گیری نشد. صفات کیفی شامل رنگ پوست (سفید، زرد، سبز، نارنجی)، جدا شدن دمگل یادم میوه از بوته (هنگام رسیدگی جدا نمی‌شود یا جدا می‌شود)، تلخی میوه یک تا دو هفته پس از گرده افشانی (بدون تلخی، کم، متوسط و زیاد)، شکل میوه (در هفت دسته)، وجود یا عدم وجود طرح روی پوست، شبکه‌بندی (حضور یا عدم حضور)، قاچ روی میوه (عدم حضور، متوسط و عمیق)، سطح میوه (صاف یا چروکیده)، خراش و جای شکوفه (کوچک و بزرگ)، وجود یا عدم وجود عطر، رنگ مزوکارپ (سبز، سفید و نارنجی)، رنگ پوشش دانه (سفید تا قهوه‌ای)، ضخامت پوست (در مقیاس ۱ تا ۳)، تردی (در مقیاس ۱ تا ۵) برای ژنوتیپ‌ها ثبت شد. صفات کمّی شامل روز تا رسیدگی، وزن میوه، طول میوه، عرض میوه، نسبت عرض حفره وسط به عرض میوه و وزن صد دانه مورد ارزیابی قرار گرفتند.

ارزیابی مولکولی

به منظور ارزیابی میزان تنوع و نیز میزان قرابت گروه‌های مختلف *Cucumis melo* ۳۰ توده بومی ملون (m1 تا m30) انتخاب شد که شامل ۲۲ توده خربزه، ۲ توده خیارچنبر، ۴ توده طالبی و ۲ توده گرمک بود (جدول ۱). استخراج دی ان ای از روش Delaporta و همکاران (۳) صورت گرفت. بدین منظور در هر گلدان ۱۵ الی ۲۰ بذر از هر توده بومی در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد و با طول روز ۱۶ ساعت کشت گردید و ۰/۲ گرم برگ از گیاهچه‌ها در مرحله ۲ تا ۳ برگی به صورت مخلوط (بالک) از ۱۵ گیاهچه وزن شد (۱۰). از روش اسپکتروفتومتری برای تعیین میزان کمّی و کیفی دی ان ای استفاده شد. مقدار ۵۰ میکرولیتردی ان ای استخراج شده را با ۲۰۵۰ میکرولیتر از بافر TE (Tris-HCl,EDTA) حل نموده و در دستگاه اسپکتروفتومتری قرار داده شدند و میزان جذب نور در طول موج‌های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر قرائت شد و غلظت دی ان ای نیز محاسبه گردید. الیگونوکلئوتیدها (Oligonucleotide) از شرکت Operon تهیه شدند. این آغازگرها پس از بررسی ابتدایی از میان ۱۷ آغازگر موجود بر اساس میزان تشکیل باند و نیز تکرار پذیری باندها انتخاب شدند. مشخصات کامل آغازگرها در جدول ۳ درج گردیده است. اجزای واکنش برای نمونه ۲۵ میکرولیتری شامل ۲/۵ میکرولیتر بافر تگ دی ان ای پلی مراز ، ۱ میکرولیتر کلرید منیزیم ۲ میلی مولار، ۰/۵ میکرو لیتر مخلوط نوکلئوتیدی ۰/۴ میلی مولار، ۱۰۰ نانوگرم دی ان ای الگو و ۱ واحد آنزیم تگ دی ان ای پلی مراز بود. برنامه واکنش پی سی آر نیز در جدول ۲ ارائه شده است.

الکتروفورز دی ان ای ژنومی و دی ان ای تکثیر شده حاصل از پی سی آر در ژل آگارز ۱/۲٪ در ولتاژ ۶۵ در دستگاه الکتروفورز (بر اساس تعداد نمونه از دستگاه مناسب استفاده شد) و به مدت ۱۲۰ دقیقه انجام گرفت.

تجزیه داده‌ها

برای تجزیه خوشه ای داده‌های حاصل از مرفولوژی نمونه‌ها، ماتریس صفر و یک تشکیل گردید. داده‌های کمی به‌خاطر همسان شدن با داده‌های کیفی به چند گروه تقسیم بندی شد. برای مثال صفت طول به ۵ دسته تقسیم بندی شد (۱۰ تا ۲۰ سانتی متر کلاس اول، ۲۰ تا ۳۰ سانتی متر کلاس دوم، ۳۰ تا ۴۰ سانتی متر کلاس سوم، ۴۰ تا ۵۰ سانتی متر کلاس چهارم و

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

جدول ۲. خصوصیات آغازگرها

شماره آغازگر	کد آغازگر	دمای اتصال آغازگر (برحسب سانتی‌گراد)	توالی آغازگرها
۱	F2	۴۲	5'–GAGGATCCCT-3'
۲	F12	۴۱	5'-ACGGTACCAG-3'
۳	B20	۴۱	5'- GGACCCTTAC-3'
۴	#250	۴۱	5'-CGACAGTCCC-3'
۵	#UB84	۴۱	5-'GCCCGCGAGT-3'
۶	UB16	۴۱	5'-GGTGGCGGGA-3'
۷	H9	۴۱	5'- TGTAGCTGGG-3'
۸	#269	۴۱	5'-CCAGTTCGCC-3'
۹	#210	۴۱	5'-GCACCGAGAG-3'
۱۰	UB6	۴۲	5'-CCTGGGCCTA-3'

جدول ۳. برنامه واکنش پی سی آر

مرحله	عمل انجام شده	دما (درجه سانتی‌گراد)	زمان (ثانیه)	تعداد دور
۱	واسرشته سازی دی ان ای ژنومی	۹۴	۲۴۰	۱
۲	واسرشته سازی	۹۴	۲۰	۱
۳	اتصال پرایمرها به رشتهٔ الگو	۴۱–۴۲	۱۵	۱
۴	گسترش رشتهٔ جدید	۷۲	۷۵	۱
۵	تکرار مراحل ۲ الی ۴			۳۹ مرتبه
۶	گسترش نهائی	۷۲	۴۲۰	۱
۷	نگهداری در دستگاه	۴	برای مدت کوتاه	–

بالاتر از ۵۰ کلاس پنجم). سپس از روش یو.پی.جی.ام .آ (Unweighted Pair Group Method of Arthimetic Average) با ضریب تشابه جاکارد (Jaccard Coefficient) خوشه ترسیم گردید (۱۰). پس از انجام برش در فاصله ژنتیکی ۱۵ خوشه به عنوان تیمار و توده در خوشه به عنوان تکرار در نظر گرفته شد. تجزیه واریانس بر اساس صفات کمّی انجام شد و میانگین‌ها از طریق آزمون دانکن مقایسه شدند. در تجزیه و تحلیل داده‌های مولکولی، با توجه به دی ان ای تکثیر شده و باندهای حاصل، با مقایسه یک باند در نمونه‌های مورد بررسی در صورت حضور یک باند ارزش یک و عدم حضور باند ارزش صفر برای باند مذکور در نظر گرفته شد و پس از تشکیل ماتریس صفر و یک ماتریس ضرایب تشابه محاسبه گردید. ضریب کوفنتیک برای تعیین مطلوبیت تجزیه خوشه‌ای اندازه‌گیری شد. از میان ضرایب تشابه متداول ضریبی که بهترین ضریب کوفنتیک را نشان داد انتخاب شد و سپس تجزیه خوشه‌ای انجام شد. ضریب هم‌بستگی کوفنتیک (Cophenetic Coefficient) با تجزیه خوشه‌ای از روش یو.پی.جی.ام.آ و ضریب تشابه جاکارد ۰/۷۸، باضریب تشابه اس.ام. (Simple Matching)۰/۷۳ و با ضریب تشابه دایس (نی) ۰/۷۶ محاسبه گردید. بنابراین ضریب تشابه جاکارد انتخاب گردید و ماتریس تشابه و نمودار درختی به دست آمد. محاسبات با استفاده از نرم افزارهای آماری NTSYS و SPSS انجام گرفت.

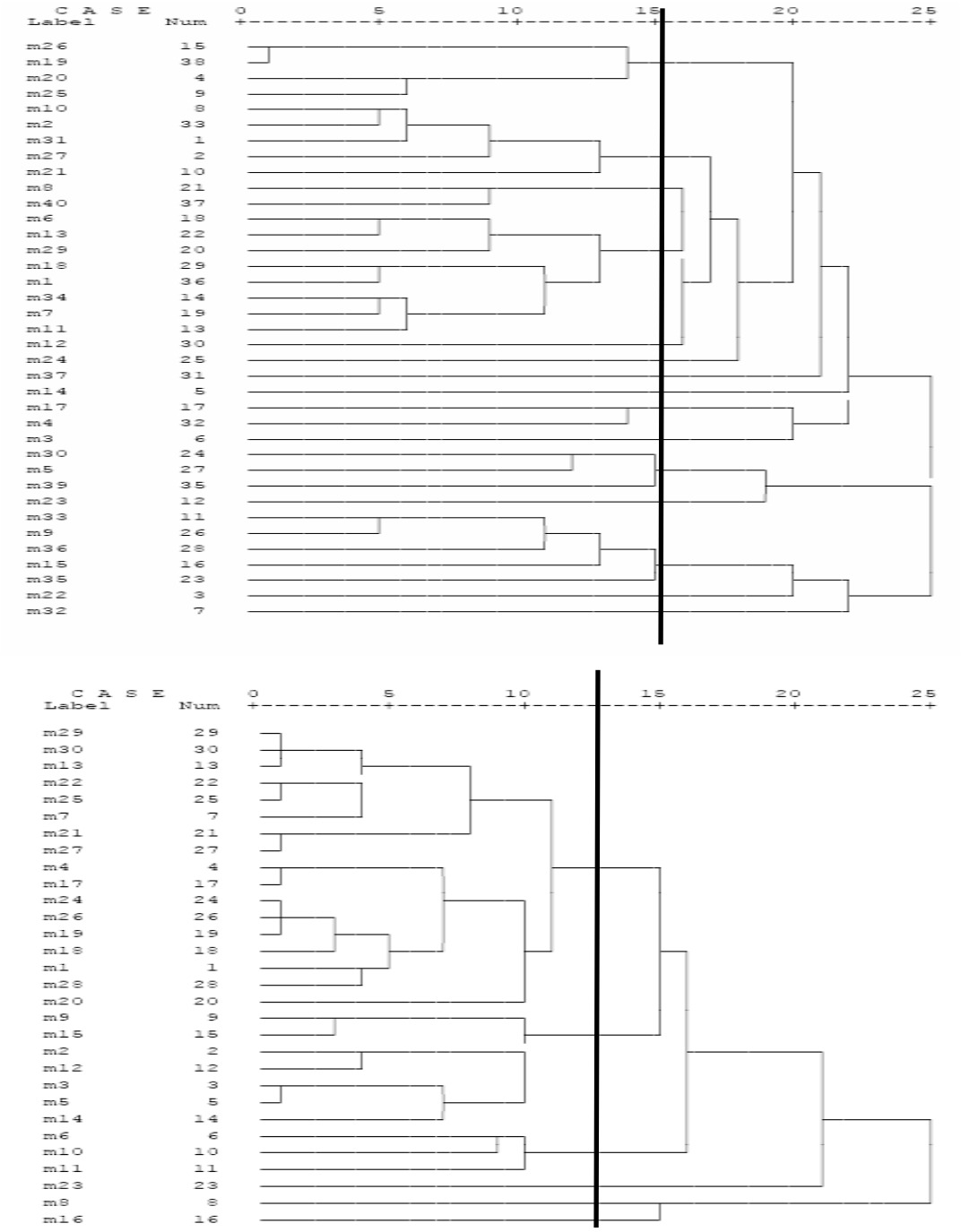
نتایج و بحث

الف) بخش مرفولوژی

تجزیه خوشه ای بر اساس صفات مرفولوژیکی در فاصله ژنتیکی ۱۵ ژنوتیپ‌ها را به ۱۵ گروه تقسیم بندی نمود (شکل ۱). در

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]



شکل ۱. نمودار درختی توده‌ها بر اساس صفات مرفولوژی (شکل بالا) و مارکر رپید (شکل پایین) از طریق روش یو.پی. جی. ام. ای

جدول ۵ تجزیه واریانس خوشه برای صفات کمی ارائه شده است، که نشان می دهد توده‌ها در خوشه‌های متفاوت از لحاظ صفات کمی در سطح احتمال یک درصد اختلاف معنی‌داری دارند. آزمون مقایسه میانگین به روش دانکن بر روی این صفات در جدول ۶ ارائه شده است. در دسته اول خربزه‌های رباطی سمنان (m26)، رشیدی یزد (m19)، یزدی ۲ (m20) و دورگه (m25) قرار گرفتند. این خربزه‌ها در صفات وزن، طول، عرض، نسبت عرض به عرض حفره وسط و شکل میوه مشابه

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

جدول ۵ . جدول تجزیه واریانس خوشه برای صفات کمّی

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات					
صفات		وزن	طول	عرض	طول حفره وسط	عرض حفره وسط	روز تا رسیدگی
خوشه	۱۴	۵/۵۲**	۵۳۷/۸۵**	۲۴/۴۱۱**	۴۸۸/۴۸۹**	۸/۱۷۶**	۱۷۹/۸۲۳**
توده درون خوشه	۲۳	۰/۲۸۵	۱۱/۴۱	۱/۶۷	۸/۴۹۴	۰/۹۱۹	۶/۲۷۳
کل	۳۷						

** : معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

جدول ۶. آزمون مقایسه میانگین به روش دانکن بر روی صفات کمّی در هر خوشه

خوشه	وزن		طول		عرض		طول حفره وسط		عرض حفره وسط		روز تا رسیدگی	
	میانگین	گروه	میانگین	گروه	میانگین	گروه	میانگین	گروه	میانگین	گروه	میانگین	گروه
۱	۳/۶۶	C	۲۶/۲۱	DE	۱۷/۵۶	A	۱۹/۶۸	DE	۹/۹۵	A	۹۰/۲۵	AB
۲	۵/۲۳	A	۳۷/۰۳	C	۱۷/۰۲	ABC	۲۷/۶	C	۸/۷۹	ABCD	۹۳/۸	A
۳	۳/۶۶	C	۳۴/۳۳	C	۱۵/۴۸	ABCD	۲۷/۳	C	۷/۰۸	EF	۹۳	A
۴	۳/۵۴۷	CD	۲۶/۸۲	D	۱۵/۶۵	ABCD	۲۰/۳۸	D	۸/۰۲	BCDEF	۹۲/۷۵	A
۵	۱/۵۱	GH	۱۸/۳۶	F	۱۲/۷۳	EF	۱۱/۸۶	GH	۶/۸۶	F	۹۴/۳۳	A
۶	۴/۱۴۶	AB	۴۴/۶۶	B	۱۷/۱۴	AB	۳۶/۷	B	۷/۴	DEF	۹۱/۳۳	A
۷	۲	EFG	۱۹/۸۶	F	۱۴/۴۴	DE	۱۴/۹۶	EFG	۸/۶۶	ABCDE	۹۴/۶۶	A
۸	۴/۶۹۳	AB	۲۶/۱۳	DE	۱۷/۱	AB	۱۸/۰۷	DEF	۸/۸	ABCD	۹۴/۶۶	A
۹	۲/۴	EF	۱۸/۲	F	۱۴/۵۵	DE	۱۳/۲۶	FG	۷/۷۸	CDEF	۸۱	DE
۱۰	۲/۵۴	EFG	۲۰/۹۶	EF	۱۵/۸	ABCD	۱۵/۰۳	EFG	۱۰/۰۵	A	۸۶/۶۶	BC
۱۱	۲/۳۹	EFG	۱۸/۷۳	F	۱۴/۷۶	CDE	۱۳/۵۳	FG	۹/۳۸	EBC	۸۳	D
۱۲	۲/۴۶	EF	۱۸/۲	F	۱۴/۹۷	BCDE	۱۱/۱	GH	۹/۶۳	AB	۷۷/۳۳	E
۱۳	۱/۷۲۸	FGH	۵۵/۲۹	A	۸/۷۸	G	۴۹/۱۸	A	۴/۸۴	G	۹۲/۶	A
۱۴	۲/۷۴	DE	۲۰/۳۲	F	۱۴/۵۳	DE	۱۴/۲۹	FG	۹/۶	AB	۸۲	D
۱۵	۱	H	۱۱/۹۴	G	۱۰/۷۵	FG	۷/۹	H	۷/۰۸	EF	۷۰/۶۶	F

میانگین‌های هر ستون با حروف متفاوت دارای اختلاف معنی‌دار هستند (P <۰/۰۵).

بودند میانگین صفات کمی بر روی ده میوه از هرتوده به همراه خطای معیار در جدول ۷ ارائه گردیده است. در این گروه خربزه‌های رباطی و رشیدی با ضریب تشابه ۰/۷۶۵ بیشترین تشابه ژنتیکی را در کل خوشه دارا بودند. در گروه دوم خربزه‌های عموچی اصفهان (m10) ، گرمساری (m2)، توسرخه اصفهان (m31)، شتری اصفهان (m27) و یزدی ۱ (m21) قرار گرفتند که صفات متمایز کننده آنها وزن، طول و عرض زیاد و ضخامت زیاد پوست بود. گروه دیگر شامل دو خربزه کرمان (m8) و مجدی یزد (m40) بود. این دو خربزه در صفاتی مانند وزن، طول، عرض، رنگ پوست، رنگ گوشت و شکل میوه یکسان بودند. در گروه چهارم خربزه‌های سبز مارتین اصفهان (m6)، سبز خمینی شهر (m13)، لطیفه اصفهان (m29) ، گرگاب اصفهان (m1)، سوسکی سمنان (m1)، تاشکندی، زرد سدو فیروزان اصفهان (m7) و ایوانکی سمنان (m11) قرار گرفتند.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

جدول ۷. میانگین (SE ±) صفات کمی اندازه‌گیری شده بر روی ده میوه از هر توده

شماره	وزن (کیلوگرم)	طول (سانتی متر)	عرض (سانتی‌متر)	طول حفره وسط	عرض حفره وسط	روز تا رسیدگی
M1	۳/۲ ± ۰/۵۹	۲۳ ± ۲/۳۶	۱۳/۱ ± ۱/۲۴	۱۹/۱ ± ۱/۹۶	۷/۹ ± ۰/۲۶	۹۲ ± ۳/۶
M2	۳/۳ ± ۰/۷۲	۳۶/۴ ± ۲/۷	۱۴/۱ ± ۲/۲۵	۲۹/۱ ± ۱/۵۲	۸/۵ ± ۰/۲۳	۹۴ ± ۲/۱۵
M3	۲/۴۲ ± ۰/۵۳	۱۹/۹ ± ۲/۷	۱۶/۴ ± ۲/۴	۱۴/۱ ± ۲/۵۴	۹/۶۵ ± ۰/۸۸	۸۵ ± ۴/۲۳
M4	۲/۴۲ ± ۰/۸۵	۲۰/۲ ± ۷/۷	۱۴/۸۵ ± ۲/۴۱	۱۵/۳ ± ۲/۵۴	۸/۷۵ ± ۱/۸۶	۷۸ ± ۷/۶
M5	۱/۷۵ ± ۰/۶۱۸	۱۶/۱ ± ۱/۸۶	۱۳/۹ ± ۱/۷۶	۱۰/۹۴ ± ۱/۸۵	۹/۰۵ ± ۱/۵۷	۸۲ ± ۲/۸۲
M6	۳/۴ ± ۱/۰۳	۲۵ ± ۳/۲۳	۱۶/۲ ± ۲/۳۸	۲۰/۲ ± ۲/۱۵	۸/۹۴ ± ۱/۲۶	۹۰ ± ۲/۷۳
M7	۳/۳ ± ۰/۶۵	۲۸/۵ ± ۲/۲۶	۱۶/۲ ± ۱/۵۴	۲۰ ± ۱/۸	۶/۵ ± ۰/۷	۹۲ ± ۵/۷
M8	۳/۸ ± ۱/۱۲	۳۵/۵ ± ۵/۳	۱۵/۲۵ ± ۲/۴	۲۷ ± ۳/۲	۹/۲۵ ± ۱/۰۶	۹۵ ± ۱/۳
M9	۱/۱ ± ۰/۴۵	۶۶ ± ۸/۱	۶ ± ۱/۲۳	۵۸ ± ۷/۴	۳/۵ ± ۰/۴۶	۸۹ ± ۳/۲
M10	۶ ± ۰/۶۵	۳۵/۷۵ ± ۰/۸۸	۱۸/۹ ± ۱/۵۶	۲۵/۸ ± ۱/۰۳	۹/۹ ± ۱/۰۲	۹۷ ± ۱/۱۵
M11	۴/۵ ± ۰/۵	۳۱/۵ ± ۱/۵۱	۱۷ ± ۱/۱۸	۲۲ ± ۱/۸	۸/۴ ± ۰/۸۸	۹۵ ± ۲/۳
M12	۱/۵۵ ± ۰/۳۲	۱۸/۱ ± ۰/۷۵	۱۲/۷ ± ۰/۲۷۳	۱۱/۶ ± ۰/۲۱	۷/۱ ± ۰/۳۲	۹۳ ± ۱/۲۲
M14	۴/۱۸ ± ۱/۱۴	۲۷/۴ ± ۳/۲	۱۷/۳ ± ۲/۳۳	۱۹/۷ ± ۳/۱	۸/۵ ± ۱/۲۵	۹۳ ± ۱/۲۲
M13	۳/۴ ± ۰/۷۶	۲۶ ± ۳/۲۵	۱۴/۲ ± ۱/۴۸	۲۱ ± ۱/۸۲	۸/۲ ± ۰/۵۶	۹۰ ± ۴/۶
M15	۱/۷ ± ۰/۳۵	۴۸/۸ ± ۸/۹	۹/۲ ± ۰/۱	۴۳/۱ ± ۷/۳	۵/۵ ± ۰/۳۰	۹۴ ± ۲/۶۲
M17	۲/۳ ± ۰/۶۵	۱۷/۴۲ ± ۱/۴۳	۱۴/۸ ± ۱/۲۱	۱۲/۵ ± ۱/۶۷	۸/۱ ± ۱/۲۴	۸۳ ± ۱/۳
M18	۳/۹ ± ۰/۸	۳۰ ± ۳/۶۵	۱۷/۳ ± ۲/۱۱	۲۲/۲ ± ۲/۴۷	۸/۰ ± ۰/۹۴	۹۵ ± ۱/۳
M19	۳/۴۵ ± ۰/۶۹	۲۵/۶۴ ± ۳/۴۰	۱۷/۹ ± ۱/۹۳	۱۸/۴۲ ± ۲/۸۹	۹/۸۵ ± ۱/۷	۹۲ ± ۲/۴
M20	۴/۱۷ ± ۰/۸	۲۹/۲۵ ± ۵/۳	۱۷/۵ ± ۰/۹۱	۲۴/۷۵ ± ۳/۳۷	۹/۷۵ ± ۱/۰۴	۹۰ ± ۱/۳
M21	۶/۴۶ ± ۰/۸۷	۳۸/۶۶ ± ۱/۵	۱۸/۳۳ ± ۱/۶۶	۳۰ ± ۱/۶۳	۹/۱ ± ۰/۷۵	۹۳ ± ۲/۵۳
M22	۲/۶۳ ± ۱/۳۶	۱۹/۹۷ ± ۴/۹	۱۳/۶ ± ۱/۵۷	۱۴/۳۸ ± ۳/۷۲	۹/۳۹ ± ۱/۷۶	۸۴ ± ۸/۶
M23	۲/۵۸ ± ۱/۲۳	۲۱/۱ ± ۲/۹۵	۱۵/۴۳ ± ۲/۹۸	۱۱/۳۱ ± ۱/۴۱	۹/۴ ± ۱/۸۲	۸۲ ± ۳/۴
M24	۴/۳ ± ۰/۷۳	۴۵ ± ۳/۳۱	۱۷/۱۲ ± ۱/۴۲	۳۷/۲۱ ± ۲/۶۵	۷/۵ ± ۰/۶۵	۹۲ ± ۳/۴
M25	۳/۳۲ ± ۱/۳۶	۲۱/۱۵ ± ۷/۵۸	۱۸/۱۵ ± ۳/۳	۱۴/۳ ± ۲/۳۳	۱۰/۹ ± ۲/۲۴	۸۵ ± ۳/۳
M26	۳/۹ ± ۰/۵۵	۲۸/۸ ± ۱/۸۳	۱۶/۷ ± ۰/۸۷	۲۱/۲۵ ± ۲/۲	۹/۳ ± ۱/۱۶	۹۴ ± ۲/۶۲
M27	۵/۳ ± ۱/۱۴	۴۰/۳۳ ± ۷/۶	۱۶/۴ ± ۰/۸	۳۰/۱ ± ۵/۴	۷/۷۵ ± ۱/۱۲	۹۴ ± ۲/۰۶
M28	۳/۱۵ ± ۰/۸۳	۳۴/۳ ± ۴/۵	۱۳/۶۵ ± ۱/۱۴	۲۶/۸ ± ۳/۹۵	۶/۷ ± ۰/۹۲	۸۹ ± ۴/۳
M29	۳/۴ ± ۰/۹۳	۲۵ ± ۲/۷	۱۶/۳ ± ۱/۲۳	۱۹/۳ ± ۱/۲۳	۸/۸ ± ۰/۶۲	۹۵ ± ۴/۲۳
M30	۳/۳۶ ± ۰/۷۳	۲۰/۲ ± ۲/۱۶	۱۷ ± ۳/۰۶	۱۴/۸ ± ۲/۶۲	۱۱/۴ ± ۰/۵۸	۸۲ ± ۲/۲
M31	۵/۱۳ ± ۱/۳۶	۳۴ ± ۲/۱۷	۱۷/۴ ± ۱/۵۲	۲۳/۳۵ ± ۲/۰۸	۸/۷ ± ۱/۲۱	۹۱ ± ۶/۱
M32	۱/۱ ± ۰/۴۸	۱۲/۳۳ ± ۱/۸۷	۱۰/۷۵ ± ۰/۸۸	۸/۳۳ ± ۱/۵۵	۷/۲۵ ± ۰/۵۲	۷۲ ± ۲/۹۴
M33	۱/۷۵ ± ۰/۸۴	۴۵/۸ ± ۶/۲۴	۸/۲ ± ۰/۳۳	۴۱/۱ ± ۵/۳	۵/۰ ± ۰/۲۳	۹۱ ± ۳/۶۲
M34	۳/۲۸ ± ۱/۴۴	۲۵/۶ ± ۵	۱۴/۹ ± ۲/۱	۱۸/۸ ± ۴/۵	۷/۴ ± ۰/۸۲	۹۳ ± ۲/۱۳
M35	۱/۸۳ ± ۰/۵۱	۵۶/۲۸ ± ۱۹/۵	۱۰ ± ۳/۵	۵۱/۷۱ ± ۱۷/۳	۵/۲۱ ± ۱/۳۲	۹۴ ± ۲/۶۴
M36	۲/۲۶ ± ۰/۱۲	۵۹/۶ ± ۸/۹	۱۰/۵ ± ۰/۴۲	۵۲ ± ۲/۶	۵ ± ۰/۳۲	۹۵ ± ۲/۳۵
M37	۲/۲ ± ۰/۷۲	۲۰/۵۸ ± ۲/۱۵	۱۴/۸۳ ± ۱/۴۷	۱۴/۴ ± ۱/۳۲	۸ ± ۱/۲۲	۹۴ ± ۲/۳۶
M39	۲/۰۷ ± ۰/۸۸	۱۹/۹ ± ۳/۹۲	۱۳/۴ ± ۲/۵۷	۱۴/۸۶ ± ۲/۸	۷/۷ ± ۱/۹۱	۸۵ ± ۲/۴۵
M40	۳/۷ ± ۰/۳۵	۳۳/۵ ± ۲/۴۵	۱۵/۷ ± ۱/۲۸	۲۷ ± ۱/۸	۶/۵ ± ۰/۹۵	۹۲ ± ۳/۴

در دسته پنجم خربزه عباسقلی (m12) به تنهایی قرار گرفت که از صفات متمایز کننده آن وزن، طول و عرض کم می‌باشد. میوه‌های کوچک ولی شیرین اخیراً در اصلاح نباتات بسیار مورد توجه قرار گرفته‌اند. در گروه ششم نیز خربزه علی گنگه اصفهان (m24) به تنهایی قرار گرفت که از صفات بارز آن می‌توان به طول زیاد (میانگین ۴۵ سانتی‌متر)،گوشت سبز و

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

پوست سبز اشاره نمود. در گروه هفتم خربزه شبیه کاسابا (m37) قرار گرفت. این خربزه در سال‌های اخیر در بازار ایران مشاهده شده است و شباهت زیادی به خربزه کاسابای اسپانیا دارد و صفات مشخص کننده آن پوست چروکیده، طعم معطر گوشت و جدا شدن دم میوه هنگام رسیدگی می‌باشند. خربزه میرپنجی (m14) از نهاوند به خاطر صفات ویژه‌ای مانند پوست سفید و شکل تخم مرغی (Ovate) میوه و نسبت کوچک عرض حفره به عرض حفره وسط از سایر خربزه‌ها فاصله گرفته و در گروه هشتم به تنهائی قرار دارد. خربزه‌های گرگان (m17) و آناناسی (m4) در گروه نهم به نظر نمی‌رسد که بومی ایران باشند، زیرا صفات خاص خربزه‌های اصلاح شده خارجی را دارا می‌باشند. طعم معطر با گوشت بسیار شیرین، جدا شدن دم میوه هنگام رسیدگی و پوست و گوشت نارنجی از صفات مشخصه این خربزه‌هاست، در گروه بعدی نیز گرمک ایوانکی (m3) به تنهائی قرار گرفت. دسته بعدی متعلق به گروه کانتالوپنسیس می‌باشد که از صفات ویژه آن می‌توان به میوه گرد، داغ شکوفه بزرگ، جدا شدن دم میوه هنگام رسیدگی، وجود طرح نواری، وجود قاچ و در برخی از موارد وجود داغ شکوفه برآمده (کلاهک) اشاره نمود. طالبی شاه آبادی اصفهان (m30)، طالبی فیروزان اصفهان (m5)، طالبی حبیب آباد (m39) در گروه یازدهم در کنار همدیگر قرار گرفتند ولی طالبی ریش بابا (m23) به خاطر صفاتی مانند داشتن کلاهک و رنگ سبز گوشت از طالبی‌های دیگر فاصله گرفته و در گروه دوازدهم به تنهایی قرار دارد. گروه سیزدهم مختص به گروه فلکسوس (خیار چنبر) می‌باشد و چنبر شیراز (m9)، چنبر دستگرد (m15)، چنبر کردستان (m35) و چنبر مرکزی (m36) در این گروه قرار گرفت. صفاتی مانند شکل دراز و باریک میوه (Elongate)، طول بلند و عرض کم، سطح چروکیده و قاچدار میوه آن را از بقیه گروه‌ها متمایز ساخت. گرمک اصفهان (m22) در گروه چهاردهم قرار می‌گیرد و صفات ویژه‌ای مانند شکل میوه (Flat) آن را از بقیه گروه‌ها متمایز می‌کند. در گروه پانزدهم نیز گرگه دیم (m32) قرار دارد، که در غرب کشور به صورت دیم کشت می‌گردد. میانگین تشابه نمونه‌ها نسبت به یکدیگر ۰/۲۴۹ می‌باشد. کمترین تشابه را طالبی ریش بابا و گرگه دیم (با ضریب تشابه ۰/۱۳ نسبت به سایر نمونه‌ها) از توده‌های دیگر دارند و پوست زرد سدوفیروزان با ضریب تشابه ۰/۳۵۸ کمترین فاصله را با سایر نمونه‌ها ایجاد می‌کند. با توجه به جمیع صفات استفاده از خربزه‌های ایوانکی سمنان (m11) گرگان (m17)، آناناسی (m4)، رشیدی یزد (m19) و توسرخه اصفهان (m31) به منظور استفاده در تلاقی‌ها برای تولید بذر هیبرید پیشنهاد می‌شود.

ب) بخش مولکولی

تنها باندهایی که به طور واضح قابل مشاهده بودند و تکرار پذیر نیز بودند، امتیاز بندی و به منظور گروه بندی توده‌ها انتخاب شدند. جدول ۸ مشخصات این باندها را نشان می‌دهد و شکل‌های ۲ و ۳ نیز باندهای ایجاد شده با دو آغازگر VB16 و VB84 در m1 تا m15 را نشان می‌دهند.

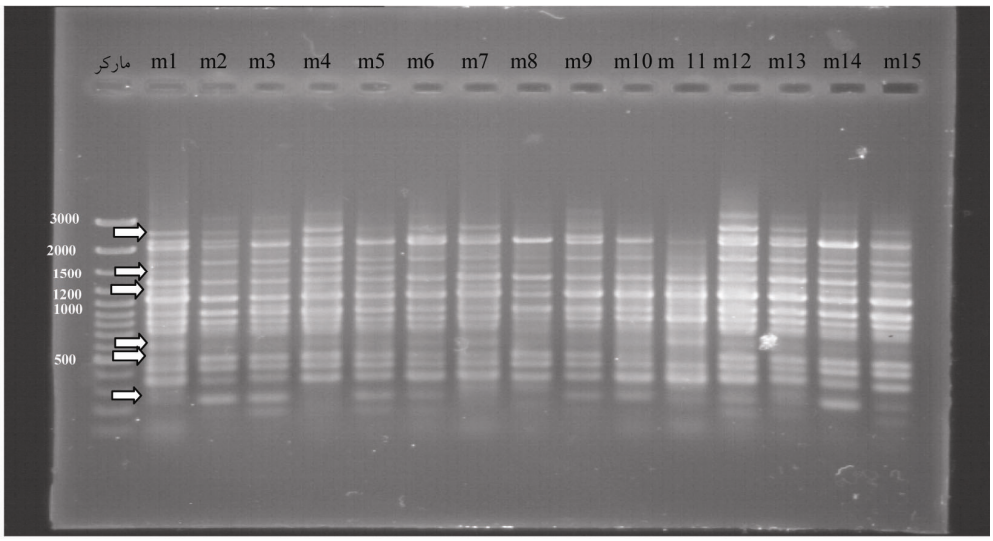
بیشترین لوکوس هم شکل متعلق به آغازگر VB16 با ۱۰ لوکوس می‌باشد و آغازگر H16 تنها ۵ باند تولید نمود که همه یک شکل بود. میانگین ضرایب تشابه توده‌ها با توجه به ماتریس تشابه ۰/۶۲۱ بود. خربزه رشیدی با ضریب تشابه ۰/۷۶۶ با بقیه توده‌ها نزدیک‌ترین ارتباط را داشت و خربزه کرمان با میانگین ضریب تشابه ۰/۲۴۱ کمترین تشابه ژنتیکی را با سایر توده‌ها داشت. کمترین میزان تشابه بین توده‌های کرمان و سدوفیروزان، سبز خمینی‌شهر و کرمان، طالبی ریش بابا و کرمان، طالبی شاه آبادی و کرمان، لطیفه و کرمان و دورگه با کرمان حاصل شد(ضریب تشابه صفر). اگر دندروگرام را در فاصله ژنتیکی ۱۳ برش دهیم توده‌ها به شش گروه تقسیم می‌شوند (شکل ۳). گروه اول شامل توده‌های لطیفه، طالبی شاه آبادی، سبز خمینی شهر، گرمک دستگرد، دورگه، سدوفیروزان، یزدی، شتری، آناناسی، گرگان، علی گنگه، رباطی، رشیدی، گرگاب، سوسکی، کاشفی و یزدی ۲، گروه دوم شامل چنبر شیراز، چنبر دستگرد، گرمساری، عباسقلی، گرمک ایوانکی،

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

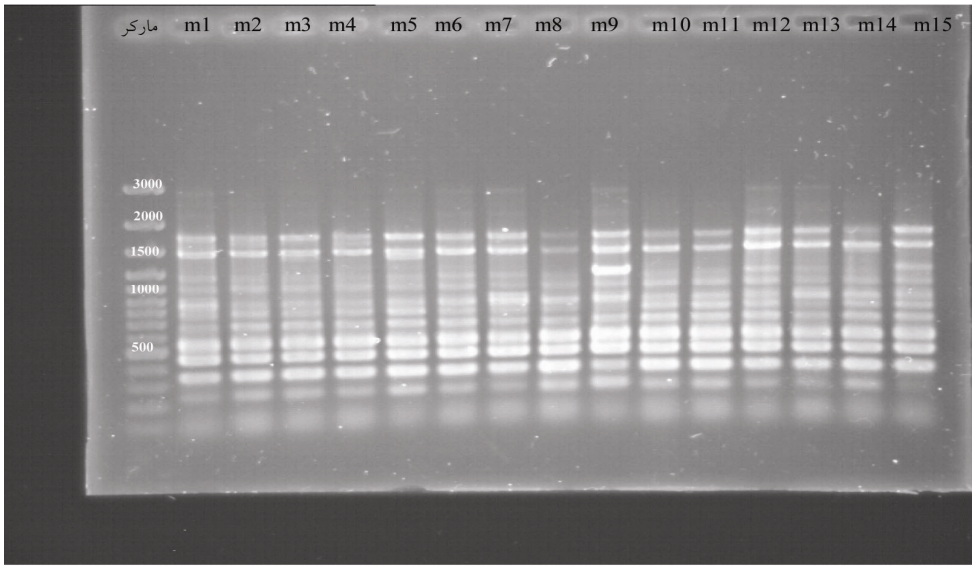
[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

جدول ۸ . مشخصات باندهای حاصل از ۱۰ آغازگر

بررسی باندها	وضعیت تغییرات باندها
دامنهٔ انتخاب باندها	۳۰۰۰– ۲۵۰ جفت باز
تعداد کل باندها	۲۵۹۲
تعداد لوکوس	۱۰۲
تعداد لوکوس چند شکل	۱۹
درصد چند شکلی تعیین شده	٪۱۹
آغازگر با بیشترین میزان چند شکلی	VB16
آغازگر با کمترین میزان چند شکلی	H16,F12,#250



شکل ۲. باندهای تکثیر شده به وسیله پرایمر VB16 در m1 تا m15 . فلش‌ها باندهای چند شکل که امتیاز بندی شده‌اند را نشان می‌دهد.(مارکر اندازه از kb۳ تا bp۱۰۰ را نشان می‌دهد.)



شکل ۳. باندهای ایجاد شده به وسیله پرایمر VB84 در m1 تا m15 .(مارکر اندازه از kb۳ تا bp۱۰۰ را نشان می‌دهد.)

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

طالبی فیروزان و خربزه میرپنجی. گروه سوم شامل سبزمارتین، عموچی و زرد جلالی، گروه چهارم طالبی ریش بابا، گروه پنجم خربزه کرمان و گروه ششم طالبی ساوه.

در این گروه‌بندی خربزه، طالبی، گرمک و خیار چنبر در گروه اول در کنار هم قرار گرفته‌اند که نشان می‌دهد خوشه‌بندی حاصل نتوانسته گروه‌های کانتالوپنسیس و اینودوروس را از یکدیگر جدا کند و خیار چنبرها (گروه فلکسوس) نیز با آن‌که در نمودار درختی درکنار هم قرار گرفتند، لیکن از سایر گروه‌ها فاصله کمی دارند که نشان می‌دهد ژنوم واریته‌های بوتانیکی *Cucumis melo* علی‌رغم تفاوت زیاد در شکل ظاهری بسیار به هم نزدیک است. در بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های بومی در اسپانیا با وجود استفاده از ۴۹ آغازگر واریته‌های بوتانیکی *Cucumis melo* از یکدیگر تفکیک نشد (۱۰). در مطالعه دیگری (۱۴) ملون‌های واریته‌های کانتالوپنسیس و اینودوروس علی‌رغم تفاوت‌های زیاد مانند وجود طعم معطر، رسیدگی کلیماتریک، عمر انبارداری و جدا شدن دم گل تمایزی از یکدیگر نشان ندادند و این گونه نتیجه‌گیری شد که اکثر تنوع ژنتیکی در ذخایر توارثی ملون را بایستی در نمونه‌های وحشی و توده‌های بومی جستجو نمود. آنها این گونه احتمال دادند که تفاوت‌های مهم مرفولوژیکی که برای طبقه بندی گروه‌های مختلف *Cucumis melo* به کار می‌رود ممکن است به خاطر انتخاب شدید در یک دوره زمانی کوتاه بوده باشد که در نتیجه آن تغییرات ژنتیکی ناچیز در ژن‌های تنظیمی رخ داده است که در نهایت تغییرات کمی در توالی‌های دی ان ای رخ داده است. توجیه دیگر آن است که تبادلات زیاد ژنومی بین گروه‌های مختلف بوتانیکی و وجود انواع حد واسط این گروه‌ها با توجه به تلاقی پذیری آنها مانع از این تفکیک شده است. به طوری‌که در ایران نیز اسامی گرمک، طالبی، دستنبو، سمسوری و خربزه صفاتی کاملاً متمایز ندارند و در شهرهای مختلف اسامی متفاوتی به آنها نسبت داده می‌شود. میزان ضریب هم‌بستگی دو خوشه ایجاد شده با صفات مرفولوژی و مولکولی ۰/۳۵ بود که نشان دهنده هم‌بستگی پایینی می‌باشد. با این وجود می‌توان شباهت‌های زیادی را با مقایسه خوشه به دست آمده از تنوع مرفولوژیکی و مولکولی مشاهده نمود. برای مثال توده‌های رباطی و رشیدی در تنوع مرفولوژی بیشترین شباهت را نسبت به یکدیگر داشتند که ضریب تشابه آنها با استفاده از مارکر رپید ۱ به دست آمد. علاوه براین خربزه‌های گرگان و آناناسی که در بسیاری از صفات مرفولوژی شبیه بودند و با ملون‌های خارجی شباهت دارند با استفاده از مارکر رپید در ارتباط نزدیکی با هم قرار گرفتند.

مکان‌های ژنی رپید در ژنوم ملون به طور گسترده‌ای توزیع شده‌اند که تعداد مکان‌های ژنی تکثیر شده این نکته را نشان می‌دهد. تحقیقات بودراکو و پیترات (۴) و لوپز و همکاران (۱۰) نیز این نکته را تأیید می‌کند. تفاوت زیاد در تشابهات ژنتیکی نشان می‌دهد که نشانگر رپید برای ارزیابی تنوع در *Cucumis melo* نشانگر توانمندی است. درصد چند شکلی در این آزمایش ۱۹ درصد تعیین گردید. در مطالعه گارسیا و همکاران (۸) درصد چند شکلی در ملون‌ها با استفاده از نشانگر رپید ۱۸ درصد تعیین گردید. درصد چند شکلی در تحقیق بودراکو و پیترات (۴) ۱۸/۳ درصد تعیین شد، که با نتایج حاصل از این آزمایش مطابقت دارد. علاوه بر این نشانگر رپید توده‌ها را براساس محل کاشت بر اساس یک روال منطقی تفکیک ننموده است. لوپز و همکاران (۱۰) نیز نتوانستند توده‌های بومی اسپانیا را بر اساس روالی منطقی بر اساس منطقه کاشت از هم تفکیک کنند.

در بخش مولکولی این تحقیق توده‌های کرمان و سدوفیروزان، سبز خمینی شهر و کرمان، طالبی ریش بابا و کرمان، طالبی شاه آبادی و کرمان، لطیفه و کرمان و دورگه با کرمان (ضریب تشابه صفر) نسبت به سایر توده‌ها فاصله ژنتیکی بیشتری دارند لذا می‌توان با مطالعات تکمیلی و شناسایی بیشتر این توده‌ها، از آنها به عنوان والدین در تلاقی‌ها جهت تولید واریته‌های دورگ استفاده نمود زیرا یکی از راه‌های مطمئن برای دست‌یابی به هتروزیس بالا، استفاده از موادی است که دارای کمترین خویشاوندی باشند.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]

سپاسگزاری

این تحقیق با حمایت دانشگاه تربیت مدرس انجام شده است که بدین وسیله قدردانی می‌شود. هم‌چنین از رئیس بانک ژن گیاهی ایران آقای دکتر مظفری و نیز مسئول احیای بذور صیفی آقای دکتر کوهپایگانی قدردانی می‌شود.

منابع مورد استفاده

۱. کوهپایگانی، ج ۱۳۸۳. بررسی تنوع ژنتیکی برخی از توده‌های خربزه طالبی ایرانی و اثر روش تولید بذر بر فرسایش ژنتیکی آنها. پایان‌نامه دکتری باغبانی، دانشکدهٔ کشاورزی دانشگاه تهران.

2. Baudracco- Arans S. and M. Pitrat 1996. A Genetic map of melon (*Cucumis melo* L.) With RFLP, RAPD, Isozyme, disease resistance and morphological marker. Theor. and Appl. Gene. 93 (1-2): 57-64.
3. Dellaporta, S. L., J.Wood and J. B. Hichs. 1983. A plant DNA minipreparation. Plant Molecular Biol. Rep. 1:19-21.
4. Esquinas- Alcazar, J. T. and P. J. Gulick. 1983. Genetic Resources of Cucurbitaceae. IBPGR, Rome.
5. Garcia, E., M. Jamilena, J. I. Alvarez, T. Arnedo, J. L. Oliver and R. Lozano. 1998. Genetic relationships among melon breeding lines revealed by RAPD markers and agronomic traits. Theor. and Appl. Gene. 96: 878-885
6. Kerje, T. and M. Grum. 2000. The origin of melon, *Cucumis melo*: a review of the litreature. Acta Horticulture 510: 37-44.
7. Kirkbride, J. H. 1993. Biostematic monogreph of the genus Cucumis (Cucurbitaceae). Parkway, North Carolina.
8. Krasteva, L. 2000. Organization of melon plant genetic resources in Bulgaria. Acta Horticulture 510:247-251
9. Liou, P. C., Y. M. Chang, W. S. Hsu, H. R. Cheng and C. H. Hsiao. 1998. Construction of a linkage map in *Cucumis melo* L. Using Random Amplified Polymorphic DNA markers. Acta Horticulture.461:123-130
10. Lopez-Sease, A. I., J. E. Staub and M. L. Gomez- Guillamon. 2003. Genetic analysis of Spanish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm using a standardized molecular – markere array and geographically diverse refrence accessions. Theor. and Appl. Gene. 108:41-52.
11. Munger, H. M. and R.W. Robinson. 1991. Nomenclature of *Cucumis melo* L, Cucurbit. Genet. Coop. Rep.14:43-44.
12. Perl-Treves, R., D. Zamir, N. Navot and E. Galun 1985. Phylogeny of Cucumis based on isozyme variability and its comparision with plastome phylogeny. Theor. and Appl. Genet.71:430-436.
13. Robinson, R. W. and D. S. Decker- Walter. 1997. Cucurbits. University Press, USA.
14. Silberstein, L., I. Koralsi, R. Huang, K. Anagnostou, M. Kyle Jahn and R. perl-Trveves. 1999. Molecular Variation in melon (*Cucumis melo* L.) as revealed by RFLP and RAPD makers. Scientica Horticulture 79: 101-111
15. Staub, J. E., L. Frederik and T. C. Marty. 1987. Electrophoretic variation in cross-compatible wild diploid species of Cucumis.Canad. J. Bot. 65:792-798.
16. Wang, Y. H., C. E. Thomas and R. A. Dean. 1997. A genetic map of melon(*Cucumis melo* L.) based on amplified fragment length polymorphism(AFLP) markers. Theor. and Appl. Gene. 95:791-798.

[Downloaded from jcpp.iut.ac.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.22518517.1386.11.41.13.0]