

بررسی تنوع ژنتیکی صفات میوه و ارتباط آنها با نشانگرهای مولکولی در ژنوتیپ‌های زیتون

چکیده

این پژوهش به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و ارتباط بین نشانگرهای مولکولی با صفات میوه در ۹۸ ژنوتیپ زیتون در سال ۱۳۹۹-۱۴۰۰ در دانشگاه گنبدکاووس انجام شد. صفات مورد ارزیابی شامل طول میوه، قطر میوه، تقارن میوه، شکل میوه، بیشترین قطر عرضی میوه، نوک میوه، پستانک، تعداد عدسک، اندازه عدسک، محل شروع تغییر رنگ، ضخامت گوشت میوه، نسبت گوشت به هسته، طول هسته، شکل هسته، تعداد شیار، نوک هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته بود. نتایج نشان داد که تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند، که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌ها است. مقایسه میانگین‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های "کاریدولیا" و "D1" از نظر طول و قطر میوه و ژنوتیپ D1 از نظر وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته برتر بودند. ژنوتیپ آمیگدالولیا نیز طول هسته بیشتری داشت. بیشترین همبستگی مثبت معنی‌دار بین طول و قطر میوه (0.909^{**}) و وزن گوشت میوه با وزن میوه (0.994^{**}) مشاهده شد. تجزیه رگرسیون نشان داد که وزن گوشت میوه و وزن هسته بیشترین ارتباط را با وزن میوه دارند. ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات میوه به چهار گروه تقسیم شدند که گروه سوم از نظر اکثر صفات برتر بود. نتایج تجزیه ارتباطی بین نشانگرهای CAAT، IJS و ITS، ScoT و صفات متعدد نشان داد که طول میوه، تقارن میوه، پستانک، شکل هسته، تعداد شیار و وزن هسته توسط تعداد آلل بیشتری کنترل می‌شوند و صفات تقارن میوه، پستانک و تعداد شیار بیشترین ضریب تبیین را داشتند. آلل SCoT21-B بیشترین پیوستگی را با نه صفت و آلل IJS-A با پنج صفت داشت. نتایج این پژوهش می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی مولکولی بلندمدت و توسعه ارقام زیتون با عملکرد بالاتر مورد استفاده قرار گیرد.

کلید واژه: تجزیه ارتباط، تنوع فنوتیپی، رگرسیون، نشانگرهای DNA

مقدمه

زیتون یکی از قدیمی‌ترین گیاهان در حوزه مدیترانه بوده و نام علمی آن (*Olea europaea* L.) می‌باشد. با پیشرفت علم و آگاهی بیشتر در مورد این میوه، مصرف آن گسترش چشم‌گیری داشته است. روغن زیتون به دلیل بالا بودن سطح اسید اولئیک بسیار مفید و مورد توجه می‌باشد (Golmohammadi et al., 2018). زیتون با توجه به اهمیت فراوان در اقتصاد در ۷۹ منطقه جهان کشت می‌شود و در ۲۴ کشور حدود ۱۲۰۰ رقم وجود دارد. بنابراین حفظ ذخائر ژنتیکی در جهت اصلاح و توسعه صنعت زیتون بسیار حائز اهمیت است (Ebrahimnia et al., 2019).

کشت زیتون در شهرستان طارم در استان زنجان، بسیار رونق یافته است که دلیل آن وجود شرایط محیطی مناسب و آب و هوای ایده‌آل است. درخت زیتون به شدت تحت تاثیر دما است و تنظیم گلدهی و میوه‌دهی آن بر اساس میزان دما صورت می‌گیرد (Taghizadeh et al., 2020). استان‌های زنجان، قزوین، گیلان، گلستان جزو استان‌های برتر تولید کننده زیتون در سطح کشور به شمار می‌آیند. زیتون با توجه به ویژگی‌های بالایی همچون مقاومت نسبت به شرایط سخت محیطی و سازگاری با خاک‌های خشک و شور و همچنین با داشتن درصد روغن بالا و خوراکی بودن دارای اهمیت زیادی است (Sistani et al., 2012).

زیتون به دلیل داشتن خواص درمانی و دارویی و همچنین به دلیل داشتن درصد بالای روغن در سطح دنیا و ایران بسیار حائز اهمیت می‌باشد و به همین دلیل شناخت ژنوتیپ‌های مختلف و بررسی روابط ژنتیکی، انجام مطالعات ژنتیکی امری بسیار مهم می‌باشد (Motaghi et al., 2012). در صنعت زیتون شناسایی و انجام مطالعات در برنامه‌های اصلاح زیتون در جهت بهبود کیفیت و افزایش میزان روغن امر بسیار مهم و تاثیر گذار می‌باشد. از جهت دیگر انتخاب والدین در برنامه اصلاحی درختان زیتون امر مهمی است که دلیل آن وجود اختلاف بین ژنوتیپ و فنوتیپ درختان می‌باشد (Milotic et al., 2005). زیتون بر خلاف دیگر

گیاهان فرسایش ژنتیکی ندارد بنابراین همین امر باعث شده زیتون در برنامه‌های اصلاحی بسیار مورد مطالعه و اهمیت قرار گیرد (Ebadi et al., 2019).

ارقام زیادی در سطح دنیا وجود دارند، بنابراین برای شناسایی صفات و ویژگی‌های ریخت شناسی موجود، به یک روش تجزیه و تحلیل قدرتمند برای حفاظت منابع ژنتیکی و توسعه استراتژی آن نیاز است (Abdelhamid et al., 2011). تحلیل صفات مورفولوژیکی گام مهمی در راستای بررسی تنوع ژنتیکی محسوب می‌شود. باید توجه داشت تنوع مورفولوژیکی حاصل تنوع ژنتیکی، اثرات محیطی به همراه اثر متقابل ژنتیک در شرایط محیطی است (Sistani et al., 2012). به منظور حفظ ذخائر ژنتیکی، انجام مطالعات تنوع ژنتیکی موضوع بسیار مهمی می‌باشد. وجود تنوع ژنتیکی باعث ایجاد ژنوتیپ‌های متنوع، با کیفیت و عملکرد بالاتر و سازگار با شرایط محیطی می‌شود تا بتوانند در شرایط مختلف سازگار باشند. هر چقدر تنوع ژنتیکی بیشتر باشد، باعث می‌شود تعداد آلل‌هایی که باعث افزایش تداوم و مقاومت به شرایط محیطی می‌شود در ژنوتیپ‌ها بیشتر شود (Albertini et al., 2011). توصیف ساختار ژنتیکی و انجام مطالعات ملکولی در جهت شناسایی ژنوتیپ‌های مختلف زیتون مستلزم استفاده از نشانگرهای ملکولی می‌باشد در واقع این نشانگرها ابزار قدرتمند در جهت شناسایی و انجام مطالعات ملکولی به شمار می‌آیند (Omran et al., 2007). نشانگر CAAT از نشانگرهای مولکولی قدرتمند نشانگر CDBP می‌باشد که می‌تواند ژن‌ها را مورد هدف قرار دهد. آغازگرهای این نشانگر از جعبه CAAT ناحیه پیش‌برنده ژن‌ها طراحی شده است (Singh et al., 2014). نشانگر SCOT یکی از نشانگرهای جدید مبتنی بر واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز طراحی شده است. طراحی این نشانگر بر اساس نواحی حفاظت‌شده کدون آغازگر (ATG) طراحی شده است. برای آشکارسازی چندشکلی توالی بین رمزهای آغاز استفاده شده که از یک سیستم آغازگری ۱۸ نوکلئوتیدی استفاده می‌شود. مزایای این نوع نشانگرها می‌توان به تکرارپذیری بسیار بالا و برای ساخت توالی این نشانگر نیازی به داشتن اطلاعات ژنوم گیاه نمی‌باشد (Collard and Mackill, 2009). نشانگر ITS یک نشانگر مولکولی پرکاربرد در مطالعات فیلوژنتیک است که به دلیل تنوع بالای آن در میان گونه‌ها، به ویژه برای تمایز بین موجودات نزدیک به هم بسیار کارا است. این ناحیه به دلیل قرار گرفتن بین توالی‌های محافظت شده، به راحتی قابل توالی‌یابی است. این نشانگر در درک تنوع ژنتیکی و روابط تکاملی در مطالعات زیادی مورد استفاده قرار گرفته است (Ramesh et al., 2020). نشانگرهای ISJ، نشانگرهای نیمه تصادفی گفته می‌شود. دارای توالی‌های ۹ تا ۱۸ نوکلئوتیدی هستند که بر اساس نواحی برش اتصال اگزون-اینترون به دو گروه تقسیم می‌شوند. معمولاً آغازگرهای ISJ توالی‌هایی با تعداد نوکلئوتید متفاوت داشته که تعدادی از این نشانگرها نواحی غیر کدکننده اینترونی و برخی دیگر نواحی کدکننده اگزونی را تکثیر می‌کنند (Rafalski et al., 1997). بنابراین شناسایی و مطالعه هویت هر رقم امری مهم در راستای پیشرفت است. در گذشته فقط از صفات ریخت شناسی و مورفولوژیکی، در جهت شناسایی ارقام استفاده می‌شد، اما در حال حاضر در کنار اندازه‌گیری صفات مورفولوژیکی اصالت و هویت ژنتیکی ارقام به وسیله روش‌های نوین زیست فناوری در سطح ژنوتیپ گیاه صورت می‌گیرد (Mardi et al., 2016).

پیشینه پژوهش

با توجه به اهمیت بررسی مورفولوژیکی و ریخت شناسی صفات زیتون در جهت حفظ ذخائر ژنتیکی و تنوع ژنتیکی، مطالعات زیادی در این زمینه به انجام رسیده است. در پژوهشی به منظور بررسی تنوع ژنتیکی در ۲۹ رقم زیتون در ایستگاه تحقیقات زیتون طارم با استفاده از ۱۰ نشانگر ریزماهواره، انجام شد، آنالیز نتایج بررسی کارایی نشانگرها نشان داد که همه نشانگرها در جداسازی ارقام زیتون مؤثر بوده اما نشانگر UBC 855 و UBC 825 کارایی بیشتری را داشتند. براساس نتایج این تحقیق، ارقام زیتون در سه گروه اصلی قرار گرفتند. ارقام ایتالیا، اسپانیا و یونان در یک گروه قرار گرفتند. همچنین ارقام زیتون مدیترانه براساس منطقه جغرافیایی آن‌ها در دو گروه اصلی قرار گرفتند که شامل غرب و مرکز و همچنین شرق مدیترانه می‌باشند (Ghanbari et al., 2019).

نتایج بررسی تنوع ژنتیکی در ۳۰ ژنوتیپ مختلف زیتون منطقه گرگان نشان داد تنوع ژنتیکی بسیار بالایی از نظر صفات اندازه‌گیری شده در سطح احتمال یک درصد در بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد. همچنین بین صفت وزن هسته و قطر هسته میزان همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد وجود داشت (Ebrahimnia *et al.*, 2019).

در تحقیق دیگری با بررسی تنوع ژنتیکی در ۳۰ ژنوتیپ زیتون، مشخص شد زمانی که صفت درصد روغن به عنوان متغیر وابسته و بقیه صفات به عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شدند، صفات زمان تغییر رنگ و رسیدن میوه بیشترین تاثیر را روی درصد روغن دارند. همچنین خصوصیات گل و درصد گل نیز بیشترین تاثیر بر روی عملکرد داشتند (Ebadi *et al.*, 2019).

جهت بررسی تنوع ژنتیکی ارقام زیتون در استان قم پژوهشی با استفاده از دو رقم مقاوم به شرایط محیطی و سرما و همین‌طور پنج رقم تجاری انجام شد. نتایج حاصل از تجزیه واریانس بیانگر وجود تنوع ژنتیکی مثبت و معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد بین ژنوتیپ‌ها بود. همچنین بر اساس نتایج مقایسه میانگین، ژنوتیپ‌های فدک و طوبی از سایر ژنوتیپ‌ها متمایز شدند و در تجزیه به مولفه‌های اصلی نیز ژنوتیپ‌های تجاری در یک گروه و دو ژنوتیپ مقاوم به سرما نیز در یک گروه مجزا قرار گرفتند (Hosseini Gheydari *et al.*, 2019).

تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های زیتون استان خوزستان با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیک با استفاده از ۵۰ ژنوتیپ بررسی شد. در این بررسی خصوصیات مورفولوژیک شامل صفات میوه، هسته و برگ اندازه‌گیری شد. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که ۱۲ مؤلفه در مجموع ۷۸/۷ درصد از واریانس کل صفات را توجیه کردند. در مؤلفه اول صفات ۱۳/۴۲ درصد از واریانس کل را توجیه کردند که صفاتی نظیر طول میوه، عرض میوه، وزن میوه، شکل هسته، عرض هسته، طول هسته، تعداد شیار و طول برگ بیشترین ضریب را داشتند. در تفکیک ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی، مهم‌ترین صفات نظیر طول و عرض میوه، هسته و برگ، شکل هسته و برگ، خمش برگ، تعداد شیار هسته، قاعده میوه در موقعیت A، وزن هسته، سطح هسته در موقعیت B، تقارن هسته در موقعیت A، اندازه عدسک روی میوه، توزیع شیار روی هسته و تقارن هسته در موقعیت B در گروه‌بندی ارقام تاثیر گذار بودند (Safipour *et al.*, 2021).

در بررسی تنوع ژنتیکی ۳۰ رقم زیتون در جنوب ایتالیا و ارتباط بین نشانگرها و صفات مورد بررسی، نتایج بیانگر این بود که نشانگرهای UDO43 و DCA16 پتانسیل بالایی در بررسی و شناسایی صفات مورد نظر داشتند (Alba *et al.*, 2009). در ترکیه برای تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین نشانگرها با صفات مورد بررسی پژوهشی را با استفاده از هفت آغازگر DCA-SSR (DCA-09, DCA-11, DCA-16, DCA-17, DCA-89, UDO-14) انجام دادند. تعداد آلل آغازگرها از 3 (DCA-04 و DCA-17) تا 6 (DCA-11, DCA-16, DCA-89, GAPU-89)، با میانگین ۴/۷۵ آلل در هر آغازگر متغیر بود. تجزیه و تحلیل خوشه‌ای UPGMA ارقام را به دو خوشه اصلی تقسیم‌بندی کردند. نتایج نشان دهنده کارایی نشانگر SSR برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در زیتون و شناسایی ژنوتیپ‌ها می‌باشد (Ercisli *et al.*, 2011).

مطالعه‌ای برای بررسی تنوع ژنتیکی با استفاده از تکنیک RAPD در مجموعه‌ای از ۱۰۳ رقم زیتون از بانک جهانی ژرم پلاسِم Centro de Investigación y Formación Agraria (CIFA) Alameda del Obispo در کوردوبا (اسپانیا) انجام شد. ۱۲۶ نوار چندشکل از ۲۱ آغازگر مورد استفاده به دست آمدند. تعداد نوارها در هر پرایمر از ۴ تا ۱۱ و تعداد نوارهای چندشکل از ۳ تا ۱۰ متغیر بودند. دندروگرام مبتنی بر تجزیه و تحلیل خوشه‌ای با استفاده از شاخص جاکارد ژنوتیپ‌ها را به سه گروه اصلی بر اساس منشأ آن‌ها تقسیم‌بندی کرد: (۱) ارقام از مناطق مدیترانه شرقی و مرکزی، (۲) برخی از ارقام ایتالیایی و اسپانیایی و (۳) ارقام از منطقه مدیترانه غربی. همچنین در این پژوهش الگوی تنوع ژنتیکی بین ارقام زیتون از سه منطقه مختلف مدیترانه‌ای (غربی،

مرکزی و شرقی) با استفاده از آنالیز واریانس مولکولی (AMOVA) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. بیشترین تنوع ژنتیکی به تفاوت ارقام در مناطق مدیترانه‌ای (۸۶/۹۶ درصد) نسبت داده شد (Belaj *et al.*, 2002).

جهت اجرای برنامه‌های به‌نژادی و جمع‌آوری ژرم پلاسما با هدف توسعه و شناسایی ارقام برتر، در پژوهشی کلیه صفات مربوط به گلدهی تا رسیدن میوه شامل ویژگی‌های مورفولوژی و رویشی، میوه و هسته یادداشت برداری شدند. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها در هفت گروه قرار گرفتند. ژنوتیپ‌هایی که در گروه‌های جداگانه‌ای قرار گرفتند شامل No.6، No.7، No.8، عقیلی، ماوی، ویسی، دزفول و کیوپ بودند. در نهایت از بین ژنوتیپ‌های گردآوری شده از سطح استان خوزستان، ارقام دزفول، ماوی و کیوپ به دلیل سازگاری با اقلیم منطقه، داشتن عملکرد قابل قبول و تحمل شرایط کم آبی برای استفاده در برنامه به‌نژادی مناطق گرم جنوب کشور توصیه شدند (Ajamgard *et al.*, 2013).

بررسی تنوع ژنتیکی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در زیتون به منظور اصلاح و تولید ارقام با کیفیت روغن بیشتر و مقاوم به شرایط محیطی، یک فرآیند چندمرحله‌ای و پیچیده است که نیازمند توجه به چندین جنبه کلیدی از جمله تحلیل تنوع تنیکی، اصلاح و تولید ارقام جدید و مقاومت به شرایط محیطی می‌باشد. چندین مطالعه بر روی ژنوتیپ‌های زیتون در ایران انجام گرفته است اما در بیشتر پژوهش‌ها تعداد ژنوتیپ‌ها محدود بوده است. در این پژوهش تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما وسیع زیتون، از نظر صفات مورفولوژیکی میوه و هسته زیتون با استفاده از نشانگرهای مولکولی مورد ارزیابی قرار گرفت.

روش‌شناسی پژوهش

این پژوهش بر روی ۹۸ ژنوتیپ زیتون (جدول ۱) تهیه شده از ایستگاه تحقیقات زیتون طارم استان زنجان در دانشگاه گنبد کاووس انجام گرفت. جهت بررسی تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها و بررسی تجزیه ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و صفات، از هر ژنوتیپ ۱۵۰ عدد میوه به صورت سه مجموعه ۵۰ تایی به عنوان سه تکرار به طور تصادفی انتخاب شد و صفات طول میوه، قطر میوه، تقارن میوه، شکل میوه، بیشترین قطر عرضی میوه، نوک میوه، پستانک، تعداد عدسک، اندازه عدسک، محل شروع تغییر رنگ، ضخامت گوشت میوه، نسبت گوشت به هسته، طول هسته، شکل هسته، تعداد شیار، نوک هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته بر اساس دستورالعمل شورای بین المللی زیتون (IOOC)^۱ (Anonymous, 2000) بر روی نمونه‌ها مورد ارزیابی قرار گرفت. وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته با استفاده از ترازو ۰/۰۱ بر حسب گرم اندازه‌گیری شد. صفت نسبت گوشت به هسته از حاصل تقسیم وزن گوشت میوه به هسته به دست آمد. جهت اندازه‌گیری طول میوه، قطر میوه، ضخامت گوشت میوه و طول هسته از کولیس دیجیتال بر حسب میلی‌متر استفاده شد. برای اندازه‌گیری صفات تقارن میوه، شکل میوه، بیشترین قطر عرضی میوه، نوک میوه، پستانک، تعداد عدسک، اندازه عدسک، محل شروع تغییر رنگ، شکل هسته، نوک هسته و تعداد شیار بر اساس دستورالعمل شورای بین المللی زیتون کد دهی و ثبت گردید

جدول ۱. لیست ارقام و ژنوتیپ‌های زیتون بررسی شده در این پژوهش

ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ	ژنوتیپ	شماره ژنوتیپ
Ds14	۹۱	takham kabki	۶۷	Cornicabra	۴۳	Hamed	۲۱	Mosabi	۱
Ds17	۹۲	Svilana	۶۸	Zard goloolah	۴۴	Koroneiki	۲۳	Caridolia	۲
Zagros	۹۳	D1	۶۹	Souri	۴۵	Leccino	۲۴	Corfolia	۳
KH-10	۹۴	Amficus Rudbar	۷۰	Frantoio	۴۶	Amygdalolia	۲۵	Baladi	۴
KH-13	۹۵	Fishimi Rudbar	۷۱	Cipressino	۴۷	Arbequina	۲۶	Oblonga	۵
T-H2	۹۶	Ozine 2	۷۲	Piramidial	۴۸	Konservolia	۲۷	Kalamon	۶

¹ -International of Olive Oil Council

۷	Cailletier	۲۸	Mission	۴۹	Dakal	۷۳	Ozine 3	۹۷	T-H4
۸	Manzanilla F	۲۹	Valanolia	۵۰	Coratina	۷۴	Tuscastan	۱۰۰	T1
۹	Mavi	۳۰	Grossane	۵۱	Dezful	۷۵	Gorgan 3	۱۰۱	T2
۱۰	Dan	۳۱	Lucques	۵۴	Manzanilla	۸۰	KH-BA	۱۰۳	T6
۱۱	Jlot	۳۲	Toffahi	۵۵	Clonavis	۸۱	T-MO1	۱۰۴	T7
۱۲	Khodeiri	۳۳	Kaissy	۵۶	Gordal	۸۲	T-MO3	۱۰۵	T9
۱۳	Verdial de Jaén	۳۴	Sorani	۵۸	Agromanaki	۸۳	T-MO4	۱۰۶	T10
۱۴	Piculin	۳۵	Doebli	۶۰	Tiaiki	۸۴	T-MO12	۱۰۹	T14
۱۵	Nabali	۳۶	Abou-satl	۶۱	Patrini	۸۵	Tmn2	۱۱۲	T17
۱۶	Voliotiki	۳۷	Picual	۶۲	Chalkidikis	۸۶	QG3	۱۱۴	T19
۱۷	Zard	۳۸	Picudo	۶۳	Direh	۸۷	QG8	۱۱۶	T21
۱۸	Rowghani	۳۹	Manzanilla de sevilla	۶۴	Amin	۸۸	Bn1	۱۱۸	T23
۱۹	Mari	۴۰	Manzanilla Cacereña	۶۵	Meshkat	۸۹	Bm5		
۲۰	Shengeh	۴۲	Lechin de granada	۶۶	Derak	۹۰	Ds7		

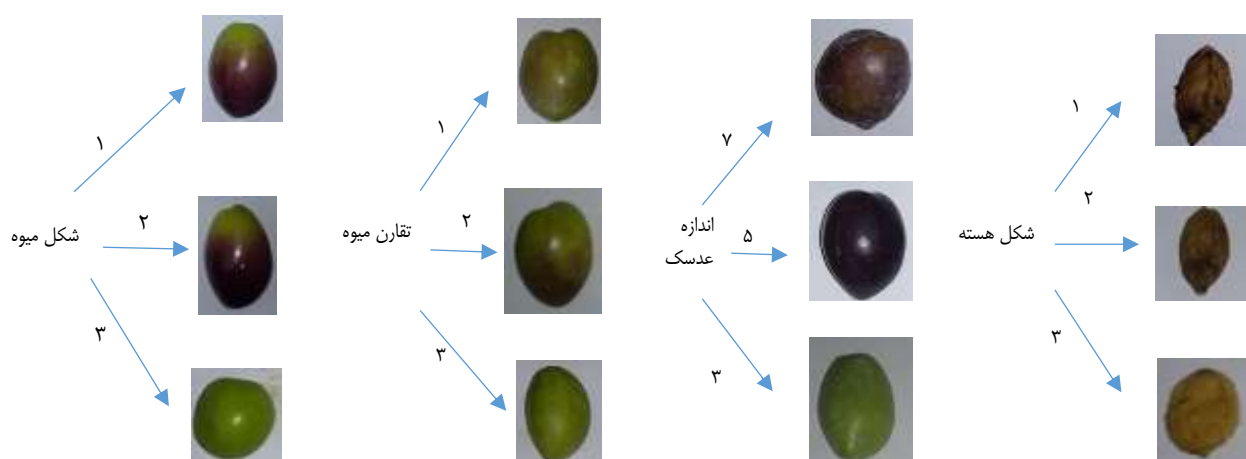
ارزیابی صفات مطابق دستورالعمل شورای بین المللی زیتون

شکل میوه: جهت اندازه گیری صفت شکل میوه آن را به ۳ دسته ی، میوه کشیده (کد ۱)، میوه به صورت تخم مرغی (کد ۲) و در صورت گرد بودن (کد ۳) لحاظ گردید. لازم به ذکر است که کددهی برای موارد کیفی مانند شکل میوه و سایر صفات کیفی با استفاده از دستورالعمل ملی برای انجام آزمایشات تمایز، یکنواختی و پایداری انجام شد (Sadeghian Motahar et al., 2019).

تقارن میوه: برای حالت میوه به صورت متقارن با (کد ۱)، تقریباً متقارن (کد ۲) و در صورت نامتقارن بودن (کد ۳) منظور گردید.

اندازه عدسک: عدسک ها نقاط برجسته دایره ایی شکل بر روی میوه هستند، طبق دستورالعمل (کد ۷) برای حالت عدسک بزرگ، (کد ۵) برای عدسک متوسط و (کد ۳) برای حالت عدسک ریز در نظر گرفته شد.

شکل هسته: صفت شکل هسته طبق دستورالعمل به شکل هسته کشیده، تخم مرغی و گرد با کد به ترتیب ۱، ۲ و ۳ در نظر گرفته شد.



شکل ۱. اندازه گیری صفات ظاهری زیتون

محل بیشترین قطر عرضی میوه: مطابق (شکل ۲) وقتی میوه بیشترین قطر عرضی را داشته باشد (در عرض میوه بیشترین قطر را داشته باشد) کد ۲ و در حالت کمترین قطر در قسمت عرض میوه باشد کد ۱ اختصاص داده شده است.

نوک میوه: صفت نوک میوه دارای حالت نوکدار و حالت گرد می‌باشد. طبق دستور العمل برای حالتی که میوه گرد باشد کد ۲ و برای حالتی که نوکدار باشد کد ۱ داده شده است.

پستانک: صفت پستانک در میوه زیتون زائده‌ایی در انتهای میوه می‌باشد که به دو صورت پستانک‌دار کد ۹ و بدون پستانک کد ۱ اندازه گیری شد.

نوک هسته: صفت نوک هسته برای حالت میوه نوکدار باشد کد ۱ و برای حالت بدون نوک به صورتی که انتهای میوه گرد باشد کد ۲ داده شد.

تعداد عدسک و تعداد شیار روی هسته: به صورت شمارش تعداد عدسک روی میوه و تعداد شیار روی هسته انجام گرفت.



شکل ۲. صفات ظاهری مورد ارزیابی زیتون

استخراج DNA و واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز

به منظور استخراج DNA، ابتدا از برگ‌های تازه و جوان ۹۸ ژنوتیپ زیتون نمونه‌های برگ‌ی تهیه شد. جهت استخراج با استفاده از نیتروژن مایع برگ‌ها در آون پودر شده و با استفاده از روش CTAB استخراج انجام گرفت (Saghai-Marouf *et al.*, 1984). به منظور بررسی کیفیت DNA از الکتروفورز افقی با ژل آگارز ۰/۸ درصد استفاده شد. واکنش PCR با استفاده از نشانگرهای CAAT، ITS، SCoT و IJS انجام شد. جهت رنگ‌آمیزی و نمره‌دهی، DNA تکثیر یافته روی ژل اکریل آمید ۶ درصد قرار داده شد و با استفاده از روش سریع رنگ‌آمیزی نیترات نقره (An *et al.*, 2009) ژل‌ها رنگ‌آمیزی شدند و در نهایت نوارهای DNA امتیازدهی شدند.

تجزیه‌های آماری

به منظور انجام تجزیه واریانس و مقایسه میانگین بر اساس آزمون توکی در سطح احتمال ۵ درصد از نرم افزار SAS استفاده شد. تجزیه رگرسیون و محاسبه ضرایب همبستگی و همچنین تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم افزار SPSS نسخه ۲۴ (IBM Crop, 2010) انجام شد. به منظور انجام تجزیه ارتباطی بین صفات مورفولوژیکی و نشانگرهای مولکولی به روش تجزیه رگرسیونی، از نرم افزار SPSS نسخه ۲۴ (IBM Crop, 2010) استفاده شد.

یافته‌های پژوهش

با توجه به نتایج تجزیه واریانس، اختلاف بین ژنوتیپ‌ها برای تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند (جدول ۲) که نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی بسیار بالا در بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد ارزیابی بود. صفات محل شروع تغییر رنگ، پستانک میوه و شکل هسته دارای بیشترین میزان ضریب تغییرات در بین صفات مورد ارزیابی بودند. همچنین طول میوه، قطر میوه و طول هسته کمترین میزان ضریب تغییرات را در بین صفات مورد ارزیابی داشتند.

جدول ۲. تجزیه واریانس صفات میوه در رقم ۹۸ و ژنوتیپ زیتون

میانگین مربعات						منابع تغییر	درجه آزادی
طول میوه	قطر میوه	تقارن میوه	شکل میوه	بیشترین قطر عرضی میوه	رقم	خطا	
۴۹/۴۸۰**	۱۵/۰۱۸**	۰/۶۶۰**	۰/۸۳۰**	۰/۱۶۷**	۹۷	۱۹۶	
۰/۲۸۸	۰/۱۴۸	۰/۰۲۰	۰/۰۲۰	۰/۰۲۰			
۲/۶۶۸	۴/۱۵۱	۷/۷۳۴	۷/۰۱۱	۷/۳۳۹			ضریب تغییرات (%)

***، نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد می‌باشد

ادامه جدول ۲

میانگین مربعات						منابع تغییر	درجه آزادی
نوک میوه	پستانک	تعداد عدسک	اندازه عدسک	شروع محل تغییر رنگ	ضخامت گوشت میوه	رقم	
۰/۶۷۷**	۲۱/۱۱۳**	۴۳/۷۴۵**	۴/۱۲۶**	۰/۱۹۳**	۱/۷۰۲**	۹۷	
۰/۰۲۷	۱/۳۰۶	۱/۲۱۹	۰/۰۸۱	۰/۰۳۷	۰/۰۷۵	۱۹۶	
۱۱/۷۱۴	۱۴/۵۴۵	۶/۱۱۶	۶/۲۵۹	۱۷/۶۰۶	۱۲/۸۳۵		ضریب تغییرات (%)

ادامه جدول ۲

میانگین مربعات				منابع تغییر	درجه آزادی
وزن میوه	وزن گوشت	وزن هسته	نسبت گوشت به هسته	رقم	
۱۴/۷۴۰**	۱۱/۴۱۸**	۰/۱۵۴**	۹/۹۷۱**	۹۷	
۰/۰۷۴	۰/۰۵۸	۰/۰۰۱	۰/۰۸۴	۱۹۶	
۵/۸۷۰	۶/۵۵۲	۵/۷۶۹	۵/۲۷۴		ضریب تغییرات (%)

ادامه جدول ۲

میانگین مربعات				منابع تغییر	درجه آزادی
طول هسته	شکل هسته	تعداد شیار	نوک هسته	رقم	
۳۵/۹۱۰**	۲/۴۴۴**	۴/۳۴۸**	۰/۱۳۵**	۹۷	
۰/۴۲۷	۰/۰۸۵	۰/۸۴۰	۰/۰۲۳	۱۹۶	
۴/۳۲۷	۱۶/۸۴۳	۸/۱۳۴	۱۴/۴۹۳		ضریب تغییرات (%)

طبق نتایج مقایسه میانگین، کاریدولیا^۱ و D1 از نظر طول میوه و قطر میوه بزرگ‌تری نسبت به بقیه ژنوتیپ‌ها داشتند. در حالی که از نظر صفت طول هسته ژنوتیپ آمیگدالولیا^۲ طول هسته بیشتری را به خود اختصاص داد (جدول ۳). با توجه به تعداد زیاد ارقام و ژنوتیپ‌ها، این جدول مقایسه میانگین ۱۰ درصد بیشترین مقادیر برای هر صفت ذکر شده است. D1 از نظر صفات وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته بیشتری داشت. کاریدولیا از نظر تعداد عدسک دارای عدسک بیشتری نسبت به بقیه ژنوتیپ‌ها بود. در حالی که از نظر صفت اندازه عدسک ژنوتیپ فیشمی رودبار اندازه عدسک بزرگتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشت. رقم

¹ Caridolia

² Amygdalolia

دزفول^۱ واجد شکل میوه و شکل هسته کشیده‌تری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها بود. در حالی که از نظر شکل هسته ژنوتیپ فیشمی رودبار هسته گردی را داشت. آرکینا^۲ میوه کاملاً متقارنی نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشت. خدیری^۳ از نظر صفت ضخامت گوشت میوه، مقدار بزرگتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشت. همچنین ژنوتیپ مانزانایلا کاسرنا^۴ از سایر ژنوتیپ‌ها، از نسبت گوشت به هسته بیشتری برخوردار بود.

جدول ۳. مقایسه میانگین صفات میوه در ۱۰٪ ارقام و ژنوتیپ‌های برتر زیتون از نظر هر صفت

HDS											صفات
۶۳	۳۹	۳۸	۲۰	۱۸	۶۲	۲۵	۱	۶۹	۲	ژنوتیپ	طول میوه (mm)
۱/۹۲	۲۳/۲۴۹ ^c	۲۳/۴۵۱ ^c	۲۳/۸۲۱ ^c	۲۴/۰۹۷ ^c	۲۴/۱۳۸ ^c	۲۴/۹۲۱ ^c	۳۳/۱۸۸ ^b	۳۵/۷۴ ^{a b}	۳۷/۸ ^a	۳۸/۳۴۹ ^a	
۳۸	۶۲	۴	۱۶	۹	۱۸	۲۵	۱	۶۹	۲	ژنوتیپ	قطر میوه (mm)
۱/۳۷۵	۱۰/۰۹۸ ^c	۱۰/۲۲۷ ^c	۱۰/۳۴۳ ^c	۱۰/۶۴ ^c	۱۱/۷۸۶ ^c	۱۲/۰۰۵ ^c	۱۷/۳۲۸ ^b	۱۸/۴۶۶ ^{a b}	۱۹/۸۱ ^a	۱۹/۹۴ ^a	
۱۰	۱	۸۲	۳	۷۲	۳۱	۶۷	۱۱۲	۶۶	۲۶	ژنوتیپ	تقارن میوه
۰/۶۲۵	۲ ^{b c}	۲ ^{b c}	۲ ^{b c}	۲ ^{b c}	۲ ^b	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}	۳ ^a	۳ ^a	مقدار	
۴۶	۴۹	۸	۷	۵۴	۳۰	۳۷	۸۵	۴۵	۵۱	ژنوتیپ	شکل میوه
۰/۵۵۱	۳ ^{b c}	۳ ^{b c}	۳ ^{b c}	۳ ^{b c}	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}	۳ ^a	۳ ^a	مقدار	
	۹	۸	۸۱	۲	۵	۴	۷۳	۷۱	۳۱	ژنوتیپ	بیشترین قطر عرض میوه
۰/۵۵۱	۲ ^{b c}	۲ ^{b c}	۲ ^{b c}	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۲ ^a	۲ ^a	مقدار	
۴۴	۲۶	۴۲	۷	۳۹	۲۱	۳۷	۹۳	۳۵	۱۷	ژنوتیپ	نوک میوه
۰/۶۲۵	۲ ^{b c}	۲ ^{b c}	۲ ^{b c}	۲ ^{b c}	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۲ ^a	۲ ^a	مقدار	
۸۴	۹	۸	۸۱	۶	۷۵	۴	۳	۲	۱	ژنوتیپ	پستانک
۵/۰۰۱	۹ ^{b c}	۹ ^{b c}	۹ ^{b c}	۹ ^{b c}	۹ ^{a b}	۹ ^{a b}	۹ ^{a b}	۹ ^a	۹ ^a	مقدار	
۱۶	۲۰	۶۲	۶۳	۲۵	۴۹	۴	۶۹	۱	۲	ژنوتیپ	تعداد عدسک
۳/۹۴۵	۱۹/۸۸۹ ^c	۱۹/۸۸۹ ^c	۲۰ ^b	۲۰/۱۱۱ ^b	۲۰/۱۱۱ ^b	۲۰/۶۶۶ ^b	۲۱/۶۶۶ ^b	۲۲ ^{a b}	۳۲/۵۵۵ ^a	۴۸/۳۳۳ ^a	
۳۸	۵۴	۱۸	۸۲	۲۷	۶۹	۸۶	۴۹	۷۲	۷۱	ژنوتیپ	اندازه عدسک
۰/۹۳۱	۷ ^{b c}	۷ ^{b c}	۷ ^{b c}	۷ ^{b c}	۷ ^{a b}	۷ ^{a b}	۷ ^{a b}	۷ ^a	۷ ^a	مقدار	
۳۳	۴۰	۱۳	۲۶	۲۳	۶	۱۶	۲۸	۱۰	۱۱	ژنوتیپ	شروع تغییر رنگ
۰/۴۱۶	۱/۳۳۳ ^c	۱/۳۳۳ ^c	۱/۳۳۳ ^c	۱/۳۳۳ ^c	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۲ ^a	۲ ^a	مقدار	
۱۹	۸	۱۷	۲۱	۳۸	۶۹	۲	۳۶	۲۸	۱۲	ژنوتیپ	ضخامت گوشت میوه (mm)
۰/۹۸۳	۳/۱۷۸ ^c	۳/۱۹۲ ^c	۳/۳۸۱ ^c	۳/۵۹۱ ^c	۳/۶۲۵ ^b	۳/۶۸۹ ^{a b}	۳/۷۲۴ ^{a b}	۳/۸۱۴ ^{a b}	۳/۹۴۹ ^a	۴/۲۳۳ ^a	
۳۶	۴۰	۶۶	۵۱	۶۲	۲	۶۷	۱	۲۵	۶۹	ژنوتیپ	وزن میوه (g)
۰/۹۷۶	۷/۶۷۹ ^c	۷/۹۱۲ ^c	۸/۶۵۱ ^{b c}	۸/۷۱۶ ^{b c}	۹/۱۳۱ ^b	۹/۲۲۱ ^{a b}	۹/۲۶۱ ^{a b}	۱۰/۶۶۸ ^{a b}	۱۱/۲۴۷ ^a	۱۱/۵۸۴ ^a	
۳۶	۴۰	۵۱	۶۶	۲	۶۲	۶۷	۱	۲۵	۶۹	ژنوتیپ	وزن گوشت (g)
۰/۸۶۵	۶/۸۸۱ ^c	۶/۸۵۱ ^c	۷/۰۵ ^b	۷/۲۷۹ ^b	۷/۵۷ ^b	۷/۶۴۱ ^b	۷/۶۹۳ ^b	۹/۰۵۸ ^b	۹/۵۶۳ ^a	۹/۸۵۸ ^a	
۳۵	۶۶	۶۲	۱	۳۶	۲	۲۵	۵۱	۳۲	۶۹	ژنوتیپ	وزن هسته (g)
۰/۱۳۴	۰/۹۶۸ ^c	۰/۹۷۳ ^c	۱/۰۱۹ ^c	۱/۰۵ ^{b c}	۱/۰۷۶ ^b	۱/۱۳۱ ^{a b}	۱/۱۵ ^{a b}	۱/۲۶۶ ^{a b}	۱/۲۹۵ ^a	۱/۳۰۶ ^a	
۴۹	۲۵	۱	۳۹	۱۱	۶۸	۱۳	۵۴	۵۵	۴۰	ژنوتیپ	نسبت گوشت به هسته
۱/۰۴۱	۸/۳۱۳ ^c	۸/۳۲۲ ^c	۸/۶۳۴ ^c	۸/۶۸۴ ^c	۸/۷۴۳	۹/۳۸۷ ^{a b}	۹/۶۴۵ ^{a b}	۹/۶۴۵ ^{a b}	۱۰/۲۰۲ ^a	۱۱/۲۵۱ ^a	
۶۲	۴۳	۶۳	۱۱	۱۸	۱	۶۹	۲	۳	۲۵	ژنوتیپ	طول هسته (mm)
۲/۳۳۷	۱۷/۵۶۲ ^c	۱۷/۶۰۴ ^c	۱۷/۷۳۴ ^c	۱۸/۲۷ ^c	۱۹/۶۶۳ ^c	۲۳/۳۲۳ ^{a b}	۲۵/۷۷۹ ^{a b}	۲۶/۲۰۶ ^{a b}	۲۶/۴۱ ^a	۲۷/۵۶۵ ^a	
۲۷	۱۰۱	۸۲	۸۱	۳	۹۵	۲۰	۱۰۴	۵۴	۷۱	ژنوتیپ	شکل هسته
۰/۹۵۴	۳ ^{b c}	۳ ^{b c}	۳ ^{b c}	۳ ^{b c}	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}	۳ ^a	۳ ^a	مقدار	

¹ Dezful

² Arbequina

³ Khodeiri

⁴ Manzanilla Cacereña

تعداد شیار	ژنوتیپ	۱۰	۲۱	۲	۱	۶۹	۲۵	۹	۶۲	۱۷	۴
مقدار	۱۴/۴۴۴ ^a	۱۴/۳۳۳ ^a	۱۴/۲۲۲ ^{a b}	۱۳/۶۶۶ ^b	۱۳/۵۵۵ ^b	۱۳/۳۳۳ ^b	۱۳/۳۳۳ ^b	۱۳/۳۳۳ ^b	۱۳/۱۱۱ ^b	۱۳ ^c	۳/۲۷۶
نوک هسته	ژنوتیپ	۵۱	۳۵	۲۴	۴۲	۷۵	۴۴	۷	۹۴	۵۸	۲
مقدار	۲ ^a	۲ ^a	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۲ ^{a b}	۱/۳۳۳ ^b	۱/۳۳۳ ^b	۱/۳۳۳ ^b	۱/۳۳۳ ^c	۱/۳۳۳ ^c	۰/۵۸۹

نام ژنوتیپ‌ها براساس شماره در جدول ۱ آمده است. در هر ردیف حروف مشابه نشان‌دهنده اختلاف غیرمعنی‌دار بر اساس آزمون توکی در سطح احتمال ۵ درصد می‌باشد.

کرونیکی^۱ از نظر صفات طول میوه، قطر میوه، وزن میوه، وزن هسته و طول هسته کمترین مقدار را در بین سایر ژنوتیپ‌ها داشت (جدول ۴). با توجه به تعداد زیاد ارقام و ژنوتیپ‌ها، این جدول مقایسه میانگین ۱۰ درصد کمترین مقادیر در بین صفات مورد بررسی است. در حالی که پاترینی^۲ کمترین میزان وزن گوشت میوه را در بین ژنوتیپ‌ها داشت. کرونیکی و روغنی^۳ شکل میوه کشیده در بین ژنوتیپ‌ها را داشتند. کرفولیا از نظر صفات طول میوه و قطر میوه بعد از کرونیکی کمترین مقدار را در بین ژنوتیپ‌ها داشت. خدیری تعداد عدسک کمتری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشت. در حالی که T23 کوچک‌ترین اندازه عدسک و شکل هسته کاملاً کشیده را به خود اختصاص داد. مصعابی^۴، میشن^۵، ماری^۶ و جلت^۷ در بین ژنوتیپ‌ها بیشترین محل قطر عرضی میوه در قسمت مرکز میوه را داشتند. از نظر صفت ضخامت گوشت میوه تی‌ایکی^۸ کمترین مقدار را در بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی داشت. و تعداد شیار نیز ژنوتیپ T21 کمترین میزان را داشته است.

جدول ۴. مقایسه میانگین صفات میوه در ۱۰٪ ارقام و ژنوتیپ‌های ضعیف‌تر زیتون از نظر هر صفت

صفات	HDS	۱۱۴	۱۰۹	۷	۶۰	۱۰۴	۱۰۳	۳۴	۲۴	۲۳	۳
طول (mm)	ژنوتیپ	۱۱۴	۱۰۹	۷	۶۰	۱۰۴	۱۰۳	۳۴	۲۴	۲۳	۳
میوه	مقدار	۱۶/۸۰۰ ^a	۱۶/۷۶۶ ^a	۱۶/۷۰۳ ^a	۱۶/۶۴۰ ^a	۱۵/۹۴۸ ^{a b}	۱۵/۶۸۹ ^{a b}	۱۵/۰۳۷ ^b	۱۴/۸۰۴ ^c	۱۳/۱۲۱ ^c	۱۲/۷۵۵ ^c
قطر (mm)	ژنوتیپ	۴۲	۸	۳	۳۷	۷	۱۰۴	۵	۲۴	۱۰۳	۲۳
میوه	مقدار	۷/۷۴۱ ^a	۷/۵۳۰ ^a	۷/۴۵۴ ^a	۷/۲۸۲ ^a	۷/۲۷۷ ^a	۶/۸۴۱ ^{a b}	۶/۸۱۲ ^{a b}	۶/۸۰۴ ^c	۶/۷۳۲ ^c	۵/۵۹۷ ^c
تقارن میوه	ژنوتیپ	۹	۲۳	۱۱	۴	۳۰	۴۸	۴۹	۳۳	۳۴	۳۵
مقدار	مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}
شکل میوه	ژنوتیپ	۶۹	۲۳	۱۹	۴	۲۱	۳۱	۱۱۲	۵۰	۴۳	۱۸
مقدار	مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}
بیشترین قطر	ژنوتیپ	۷	۵۸	۱۲	۳۹	۳۳	۱۸	۱۱	۱۹	۲۸	۱
عرض میوه	مقدار	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱/۶۶۶ ^a	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}
نوک میوه	ژنوتیپ	۱۰۱	۲۷	۱۰۴	۱۰۵	۶۷	۱۰۹	۱۱۲	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸
مقدار	مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}
پستانک	ژنوتیپ	۲۴	۴۶	۴۵	۲۹	۵	۳۹	۴۹	۵۰	۲۶	۴۸
مقدار	مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}	۱ ^{a b}
تعداد عدسک	ژنوتیپ	۳۴	۱۴	۷	۸۴	۶۱	۲۴	۶۴	۲۶	۱۵	۱۲
مقدار	مقدار	۱۴/۷۷۸ ^a	۱۴/۷۷۸ ^a	۱۴/۷۷۷ ^a	۱۴/۷۷۷ ^a	۱۴/۴۴۴ ^a	۱۴/۱۱۱ ^{a b}	۱۴/۱۱۱ ^{a b}	۱۳/۶۶۶ ^b	۱۳/۵۵۵ ^b	۱۳/۰۰۰ ^b
اندازه عدسک	ژنوتیپ	۷۵	۱۰	۱۱	۱۲	۴۷	۶۸	۶۱	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸
مقدار	مقدار	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^a	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}	۳ ^{a b}
شروع تغییر رنگ	ژنوتیپ	۱۰۱	۱۰۳	۱۰۴	۱۰۵	۱۰۶	۱۰۹	۱۱۲	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸

¹ Koroneiki

² Patrini

³ Rowghani

⁴ Mosabi

⁵ Mission

⁶ Mari

⁷ Jlot

⁸ Tiaiki

مقدار	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a	۱ ^a
ضخامت گوشت	۵۸	۸۴	۶۸	۹۱	۸۳	۵	۶۴	۴۷	۶۱	۶۰	۰/۴۱۶
میوه (mm)	۱/۲۴۵ ^a	۱/۲۲۶ ^a	۱/۲۰۹ ^a	۱/۲۰۷ ^a	۱/۰۸۷ ^a	۱/۰۵۰ ^a	۱/۰۱۶ ^a	۰/۹۴۸ ^c	۰/۹۱۵ ^c	۰/۷۱۰ ^c	۰/۹۸۳
وزن میوه (gr)	۲۴	۵	۷۴	۴۷	۲۶	۸۴	۶۰	۳	۶۱	۲۳	۰/۹۷۶
وزن گوشت (gr)	۱۰۳	۶۰	۲۶	۴۷	۳	۱۱۴	۸۳	۸۴	۲۳	۶۱	۰/۸۶۵
وزن هسته (gr)	۵	۱۴	۱۰۳	۲۴	۲۶	۳	۶۱	۶۰	۷۴	۲۳	۰/۱۳۴
نسبت گوشت به هسته (gr)	۱۰۴	۹۶	۹۱	۱۹	۸۲	۱۱۸	۴۶	۶۴	۶۱	۱۱۴	۱/۰۴۱
طول (mm)	۷	۳۷	۲۴	۱۰۱	۶۰	۶۱	۱۰۹	۱۰۳	۱۰۴	۲۳	۲/۳۳۷
شکل هسته	۲۶	۸۴	۲۸	۱۰۵	۱۰۶	۱۰۹	۱۱۲	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸	۰/۹۵۴
تعداد شیار	۹۱	۹۲	۹۵	۹۴	۱۰۹	۶۴	۵	۲۶	۱۱۴	۱۱۶	۳/۲۷۶
نوک هسته	۱۰۱	۱۰۳	۱۰۴	۱۰۵	۱۰۶	۱۰۹	۱۱۲	۱۱۴	۱۱۶	۱۱۸	۰/۵۸۹

نام ژنوتیپها براساس شماره در جدول ۱ آمده است.

بیشترین همبستگی در بین صفات به رابطه بین طول میوه و قطر میوه به میزان ($0/909^{**}$)، بین وزن گوشت میوه با وزن میوه ($0/994^{**}$) در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. بین صفات وزن میوه با وزن هسته نیز همبستگی ($0/842^{**}$) مثبت و معنی دار در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. رابطه نوک میوه با پستانک به میزان ($-0/433^{**}$) در جهت منفی در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود. همچنین صفات طول میوه با بیشترین قطر عرضی میوه، نوک میوه، شروع تغییر رنگ میوه و شکل هسته کمترین میزان همبستگی را داشت. همین طور بیشترین قطر عرضی میوه و نوک میوه با صفت قطر میوه کمترین همبستگی در جهت منفی را داشتند.

جدول ۵. همبستگی بین صفات میوه در ۹۸ رقم و ژنوتیپ زیتون

Trits	(FRL)	(FRD)	(FRS)	(FRP)	(PMD)	(FEA)	(NIP)	(PRL)	(SIL)	(SSC)	(THF)	(FSR)	(STL)	(STS)	(NOG)	(STA)	(FRW150)	(STW150)	(FLW150)
طول میوه	۱																		
قطر میوه	۰/۹۰۹**	۱																	
تقارن میوه	۰/۰۲۸	۰/۰۱۳	۱																
شکل میوه	-۰/۲۵۰*	-۰/۲۳۳*	-۰/۱۸۱	۱															
بیشترین قطر عرضی میوه	-۰/۱۷۱	-۰/۱۷۳	۰/۳۴۲**	-۰/۰۲۱	۱														
نوک میوه	-۰/۱۵۳	-۰/۱۶۶	-۰/۱۶۴	۰/۴۶۵**	۰/۰۴۵	۱													
پستانک	۰/۱۴	۰/۱۷۲	-۰/۰۰۹	-۰/۲۶۴**	-۰/۰۵	-۰/۴۳۳**	۱												
تعداد عدسک	۰/۷۱۴**	۰/۷۱۰**	-۰/۰۲۷	-۰/۱۶	-۰/۱۴۳	-۰/۱۲۵	۰/۱۱۸	۱											
اندازه عدسک	۰/۱۶۹	۰/۱۷۶	۰/۱۱۱	۰/۰۹۷	۰/۱۱۷	۰/۰۵۵	۰/۰۲۳	۰/۱۱۴	۱										
محل شروع تغییر رنگ	-۰/۱۰۹	-۰/۱۲۳	-۰/۱۷	-۰/۱۳۹	-۰/۲۴۰*	-۰/۱۳۸	۰/۰۷۴	-۰/۰۶۲	-۰/۱۷۷	۱									
ضخامت گوشت میوه	۰/۴۸۰**	۰/۴۳۵**	-۰/۱۶۱	-۰/۲۶۹**	-۰/۲۷۳**	-۰/۱۸۲	۰/۱۷	۰/۳۳۱**	۰/۰۹۳	۰/۱۶۳	۱								
نسبت گوشت به هسته	۰/۴۳۳**	۰/۲۸۲**	-۰/۰۰۵	۰/۰۳۹	-۰/۱۰۱	۰/۱۵۱	۰/۰۰۳	۰/۲۴۱*	۰/۰۸۱	۰/۰۶۹	۰/۲۶۴**	۱							
طول هسته	۰/۷۸۸**	۰/۷۲۴**	۰/۰۴۸	-۰/۲۱۶*	-۰/۰۷۸	-۰/۱۲۹	۰/۱۰۶	۰/۵۶۸**	۰/۰۹۲	-۰/۰۱۶	۰/۳۷۳**	۰/۴۴۳**	۱						
شکل هسته	-۰/۱۴	-۰/۱۳۴	۰/۰۹۱	۰/۳۱۶**	۰/۱۳۴	۰/۲۴۲*	-	۰/۱۵۳	۰/۲۴۱*	-۰/۰۶۳	-۰/۲۷۱**	-۰/۰۱۳	-۰/۱۸۵	۱					
تعداد شیار	۰/۵۳۹**	۰/۵۰۸**	-۰/۳۲۴**	-۰/۱۱۹	-۰/۲۶۲**	-۰/۰۳۹	۰/۱۲۵	۰/۴۴۸**	۰/۰۹۶	۰/۱۴۱	۰/۷۱۸**	۰/۳۷۴**	۰/۴۵۶**	-۰/۰۶۹	۱				
نوک هسته	-۰/۱۱۹	-۰/۱۵۴	-۰/۳۱۴**	۰/۳۷۸**	۰/۰۴۴	۰/۲۸۱**	-	۰/۱۱۲	۰/۰۵۹	-۰/۰۵۶	-۰/۱۰۴	-۰/۱۲۹	-۰/۱۱۹	۰/۱۲۷	۰/۰۲۷	۱			
وزن میوه	۰/۷۶۴**	۰/۶۴۵**	۰/۰۲۱	۰/۰۰۸	-۰/۱۱۴	۰/۰۲۱	۰/۱۳۱	۰/۴۹۹**	۰/۳۱۲**	-۰/۱۰۲	۰/۴۲۲**	۰/۶۸۴**	۰/۶۶۳**	۰/۰۲۹	۰/۵۲۷**	-۰/۰۴۹	۱		
وزن هسته	۰/۶۶۰**	۰/۵۹۴**	۰/۰۰۴	-۰/۰۰۵	-۰/۰۰۶	-۰/۰۳۴*	۰/۲۰۱*	۰/۴۶۳**	۰/۳۹۰**	-۰/۱۸۶	۰/۳۹۹**	۰/۲۲۰*	۰/۵۲۵**	۰/۰۴۸	۰/۴۱۹**	۰/۰۳۹	۰/۸۴۲**	۱	
وزن گوشت میوه	۰/۷۵۹**	۰/۶۳۴**	۰/۰۲۵	۰/۰۱۵	-۰/۱۱۲	۰/۰۲۶	۰/۱۱۹	۰/۴۹۳**	۰/۲۹۳**	-۰/۰۸۶	۰/۴۱۴**	۰/۷۴۲**	۰/۶۶۶**	۰/۰۲۴	۰/۵۲۹**	-۰/۰۵۵	۰/۹۹۴**	۰/۷۴۹**	۱

* و ** بترتیب رابطه معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد را نشان می‌دهد.

تجزیه رگرسیون

نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون (جدول ۶) زمانی که وزن میوه به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد نشان داد که وزن گوشت میوه و وزن هسته در سطح احتمال یک درصد بیشترین میزان ارتباط را با وزن میوه داشت که در مجموع ۹۹/۶۰ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کردند. در ادامه وزن گوشت میوه به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد (جدول ۷)، وزن میوه، نسبت گوشت به هسته و طول میوه وارد مدل شده که در مجموع ۹۹/۶۰ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کردند. همچنین در مدلی که صفت وزن هسته به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد (جدول ۸)، وزن میوه، نسبت گوشت به هسته، قطر میوه و ضخامت گوشت میوه به میزان ۹۵/۸۰ درصد از تغییرات صفت وزن هسته را توجیه کردند و وارد مدل شدند. در این مدل که نسبت گوشت به هسته در جهت منفی با صفت وزن هسته ارتباط نشان داد، بیانگر این مطلب است که با افزایش وزن گوشت میوه، نسبت گوشت به هسته افزایش و وزن هسته کاهش می‌یابد. همچنین با افزایش قطر میوه، وزن گوشت بیشتر از هسته تحت تاثیر این صفت قرار گرفته و افزایش می‌یابد. ضخامت گوشت میوه نیز در سطح احتمال ۵ درصد با صفت وزن هسته ارتباط دارد.

جدول ۶. نتایج تجزیه رگرسیون برای مدلی که وزن میوه به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد

وزن میوه	ضریب رگرسیون	خطای استاندارد	نهایی F	ضریب تبیین تجمعی
وزن گوشت میوه	۱/۰۰۰**	۰/۰۱۲	۸۱۱۲/۶۷۳**	۰/۹۸۸
وزن هسته	۱/۴۰۷**	۰/۰۰۶	۱۱۴۹۰/۸۲۶**	۰/۹۹۶

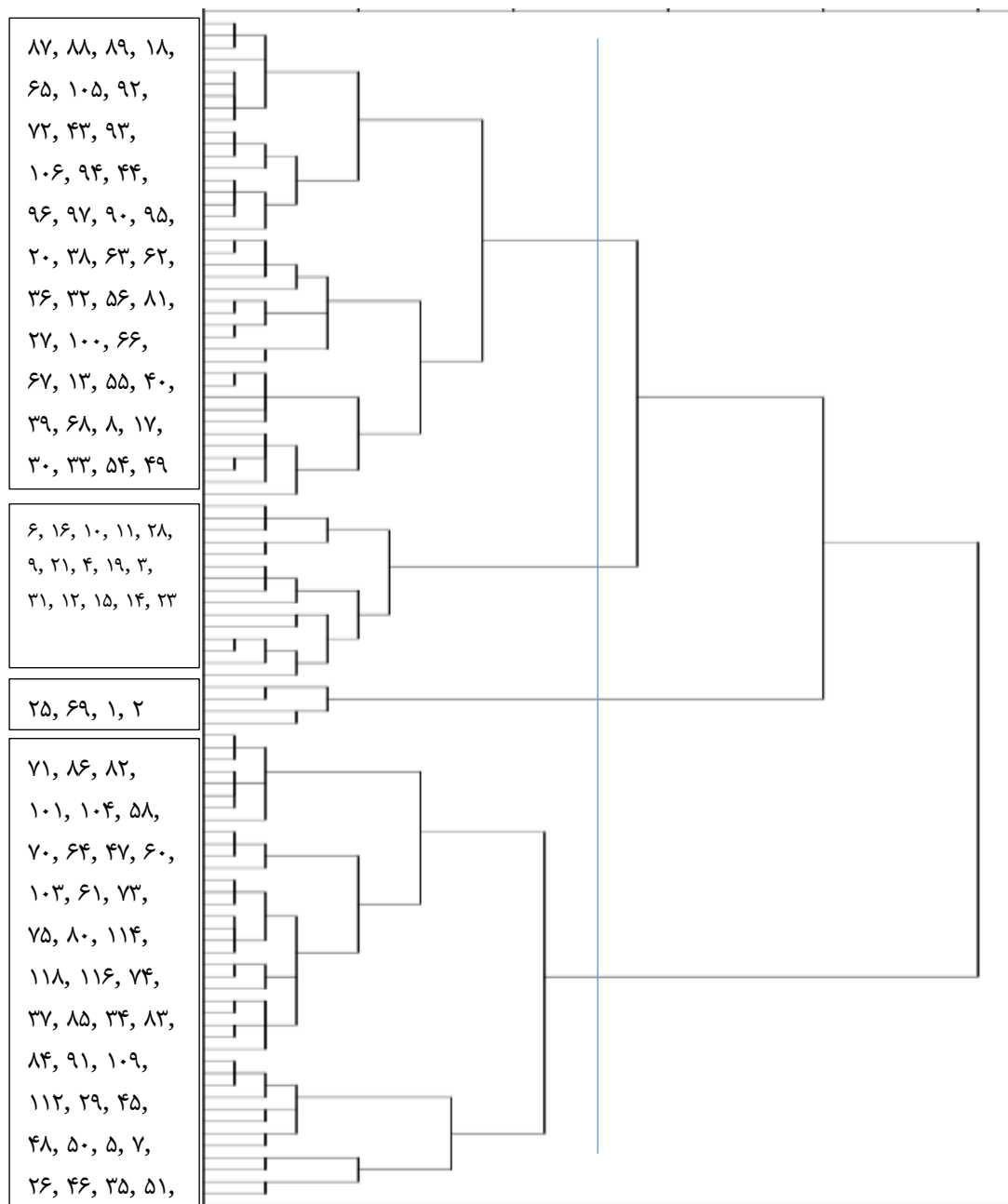
جدول ۷. نتایج تجزیه رگرسیون برای مدلی که وزن گوشت میوه به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد

وزن گوشت میوه	ضریب رگرسیون	خطای استاندارد	نهایی F	ضریب تبیین تجمعی
وزن میوه	۰/۷۸۷**	۰/۰۱۲	۸۱۱۲/۶۷۳**	۰/۹۸۸
نسبت گوشت به هسته	۰/۱۲۹**	۰/۰۱۰	۱۰۳۲۸/۴۴۱**	۰/۹۹۵
طول میوه	۰/۰۱۲*	۰/۰۰۵	۷۱۹۳/۴۲۳**	۰/۹۹۶

جدول ۸. نتایج تجزیه رگرسیون برای مدلی که وزن هسته به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد

وزن هسته	ضریب رگرسیون	خطای استاندارد	نهایی F	ضریب تبیین تجمعی
وزن میوه	۰/۱۴۰**	۰/۰۰۴	۲۳۳/۸۰۴**	۰/۹۴۸
نسبت گوشت به هسته	-۰/۰۸۷**	۰/۰۰۴	۸۶۵/۵۳۳**	۰/۹۵۴
قطر میوه	-۰/۰۱۲**	۰/۰۰۳	۶۴۶/۹۲۵**	۰/۹۵۶
ضخامت گوشت میوه	۰/۰۱۶*	۰/۰۰۷	۵۰۶/۸۶۶**	۰/۹۵۸

تجزیه خوشه‌ای با هدف گروه‌بندی ارقام با در نظر گرفتن صفات اندازه‌گیری شده انجام گرفت. برای گروه‌بندی از روش Ward با فاصله اقلیدوسی استفاده شد. در مقایسه با سایر روش‌ها، نتایج روش Ward در تمایز ژنوتیپ‌ها بهتر بود، لذا این روش مورد تفسیر قرار گرفت. نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد ۹۸ ژنوتیپ زیتون می‌تواند به چهار گروه تقسیم بندی شوند که با توجه به شکل ۴ مقایسه بین گروه‌ها از نظر صفات مورد بررسی انجام گرفته است.

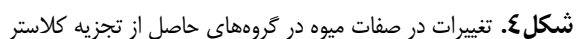


شکل ۳. گروه بندی ژنوتیپ‌های زیتون بر اساس صفات اندازه‌گیری شده به روش Ward بر اساس فاصله اقلیدوسی

یافته، نسبت گوشت به هسته،
پسک در بین گروه‌های اول
ی اول، دوم و چهارم از نظر
میوه گروه‌های دوم و سوم یک
بوده و اختلاف معنی‌داری ند

یافته، نسبت گوشت به هسته،
پسک در بین گروه‌های اول
ی اول، دوم و چهارم از نظر
میوه گروه‌های دوم و سوم یک
بوده و اختلاف معنی‌داری ند

یافته، نسبت گوشت به هسته،
پسک در بین گروه‌های اول
ی اول، دوم و چهارم از نظر
میوه گروه‌های دوم و سوم یک
بوده و اختلاف معنی‌داری ند



شکل ۴. تغییرات در صفات میوه در گروه‌های حاصل از تجزیه کلاستر

نتایج حاصل از تجزیه ارتباط رگرسیونی بین صفات با آلل‌های مورد بررسی (جدول ۹) نشان داد زمانی که طول میوه به عنوان متغیر وابسته و آلل‌ها به عنوان متغیر مستقل وارد مدل شدند در مجموع ۱۸ آلل با طول میوه ارتباط داشته که در مجموع ۷۳/۲ درصد از تغییرات این صفت را کنترل کردند. پنج آلل در جهت کاهشی و ۱۳ آلل در جهت افزایش کنترل کننده این صفت بودند. دو آلل در مجموع به میزان ۱۴/۴ درصد در جهت کاهشی با قطر میوه مرتبط بودند. برای تقارن میوه، نتایج نشان داد ۲۸ آلل با این صفت مرتبط هستند که از بین این آلل‌ها ۱۹ آلل در جهت منفی و کاهشی و ۹ آلل در جهت مثبت و افزایشی، تقارن میوه را در مجموع ۸۸/۳ درصد توجیه کردند. صفت شکل میوه به وسیله ۱۱ آلل به میزان ۵۴/۳ درصد توجیه شد که از بین ۱۱ آلل، ۷ آلل در جهت منفی و کاهشی و ۴ آلل در جهت افزایش این صفت را کنترل کردند. همچنین زمانی که صفت بیشترین قطر عرضی میوه به عنوان صفت وابسته و آلل‌ها به عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شد، ۸ آلل وارد مدل شدند که از بین این آلل‌ها ۳ آلل در جهت منفی و کاهشی و ۵ آلل در جهت مثبت توانستند ۴۷/۴ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کنند. صفت نوک میوه توسط ۵ آلل به مقدار ۳۸/۶ درصد توجیه شد که از بین آلل‌ها ۴ آلل در جهت کاهشی و ۱ آلل در جهت افزایشی صفت نوک میوه را تبیین کردند. ۲۰ آلل به مقدار ۷۹/۵ درصد صفت پستانک را توجیه کردند که ۹ آلل در جهت منفی و کاهشی و ۱۱ آلل در جهت مثبت این صفت را کنترل کردند. برای صفت تعداد عدسک، ۵ آلل به مقدار ۲۶/۳ درصد توانستند این صفت را توجیه کنند که از این بین، ۴ آلل منفی و ۱ آلل مثبت بود. صفت اندازه عدسک توسط ۷ آلل کنترل می‌شود که از این بین ۲ آلل در جهت کاهشی و ۵ آلل در جهت افزایشی در مجموع به میزان ۴۲/۷ درصد از تغییرات را توجیه کردند. محل شروع تغییر رنگ توسط ۷ آلل به میزان ۴۷/۲ درصد توجیه شد که ۳ آلل در جهت کاهشی و ۴ آلل در جهت افزایشی بوده است. برای ضخامت گوشت میوه به عنوان صفت وابسته، ۱۴ آلل توانستند در مجموع ۶۷ درصد از تغییرات را توجیه کنند که ۷ آلل در جهت کاهشی و ۷ آلل در جهت افزایشی بوده است. صفت نسبت گوشت به هسته توسط ۶ آلل که ۴ آلل کاهشی و ۲ آلل افزایشی بود و توانستند در مجموع ۴۴/۸ درصد از تغییرات این صفت را توجیه کنند. تعداد ۴ آلل در مجموع ۲۵/۵ درصد از تغییرات صفت طول هسته را توجیه کردند از بین آلل‌ها ۲ آلل در جهت منفی و ۲ آلل در جهت مثبت بودند. زمانی که صفت شکل هسته به عنوان متغیر وابسته وارد مدل شد ۱۷ آلل که ۹ آلل در جهت کاهشی و ۸ آلل در جهت افزایشی بود در مجموع توانستند ۷۳/۸ درصد از تغییرات این صفت را تبیین کنند. صفت تعداد شیار در مجموع به مقدار ۷۸/۴ درصد توسط ۲۱ آلل توجیه شد که از این بین، ۱۱ آلل در جهت کاهشی و ۱۰ آلل در جهت افزایش این صفت شناسایی شد. صفت نوک هسته توسط ۴ آلل که ۳ آلل در جهت افزایشی و ۱ آلل در جهت کاهشی بوده است در مجموع مقدار ۲۷/۹ درصد از تغییرات این صفت را توجیه نمود. برای صفت وزن میوه در مجموع ۷ آلل که ۴ آلل در جهت کاهشی و ۳ آلل در جهت افزایش بوده به مقدار ۴۵/۲ درصد تغییرات فنوتیپی این صفت را توجیه نمودند. وزن هسته توسط ۱۵ آلل در مجموع به مقدار ۶۵/۶ درصد توجیه شد که از بین آلل‌ها ۷ آلل در جهت کاهشی و ۸ آلل افزایشی بوده است. صفت وزن گوشت میوه توسط ۹ آلل که ۴ آلل کاهشی و ۵ آلل افزایشی بود و در مجموع به مقدار ۵۰/۹ درصد از تغییرات این صفت را تبیین نمود.

جدول ۹. تجزیه رگرسیون بین صفات میوه و آلل‌های تکثیر شده با استفاده از چهار نشانگر CAAT، SCoT، ITS و IJS

صفات	آلل‌هایی که در ارتباط با صفت در مدل رگرسیونی معنی‌دار شناسایی شدند	F نهایی	تجمعی نهایی مدل	ضریب تبیین
طول میوه	SCoT21-B, ITS4-C, SCoT9-B, IJS9-A, IJS15-D, SCoT8-B, ITS1-A, SCoT4-C, CAAT14-A, SCoT7-B, ITS2-E, CAAT10-C, CAAT11-A, SCoT3-D, ITS7-B, CAAT10-A, CAAT16-B, SCoT11-C	۱۱/۹۷۳**	۰/۷۳۲	رگرسیونی
قطر میوه	SCoT21-B, CAAT13-A	۸/۰۰**	۰/۱۴۴	

تقارن میوه	IJS9-C, SCoT15-A, CAAT10-E, ITS3-D, CATT3-D, SCoT4-A, CATT3-C, ITS3-B, IJS13-A, ITS1-A, CAAT16-C, SCoT8-B, ITS12-B, IJS14-D, CAAT6-E, ITS15-C, SCoT2-B, IJS14-A, CAAT13-E, SCoT9-C, SCoT2-E, SCoT7-A, ITS1-B, SCoT11-D, IJS4-A, CAAT12-B, IJS15-C, IJS2-A	۱۸/۵۳۶**	۰/۸۸۳
شکل میوه	ITS1-E, SCoT8-A, IJS1-B, IJS7-C, SCoT11-A, IJS8-B, SCoT14-F, ITS4-A, ITS10-A, CAAT9-C, ITS13-D	۹/۲۸۰**	۰/۵۴۳
محل بیشترین قطر عرضی میوه	IJS10-F, CAAT12-B, CATT3-C, IJS9-C, SCoT9-C, IJS14-E, CAAT9-A, CAAT7-C	۱۰/۰۲۲**	۰/۴۷۴
نوک میوه	ITS11-A, ITS11-G, IJS10-E, CAAT13-C, CAAT7-A	۱۱/۵۴۳**	۰/۳۸۶
پستانک	ITS1-E, ITS14-E, ITS15-B, CAAT8-B, IJS9-A, ITS2-A, SCoT5-A, SCoT12-E, ITS2-C, SCoT12-C, CAAT10-D, ITS2-D, SCoT24-B, ITS14-F, ITS9-B, ITS1-C, SCoT12-D, ITS4-A, CAAT2-E, ITS10-C	۱۴/۹۵۹**	۰/۷۹۵
تعداد عدسک	SCoT21-B, SCoT2-C, CATT3-A, SCoT5-B, CAAT5-B	۶/۵۵۲**	۰/۲۶۳
اندازه عدسک	ITS1-A, SCoT15-A, SCoT12-D, IJS11-A, IJS11-B, ITS3-G, CAAT11-A	۹/۵۹۴**	۰/۴۲۷
محل شروع تغییر رنگ	ITS8-D, CAAT10-F, IJS14-A, CAAT14-D, CAAT2-E, ITS3-E, ITS6-B	۱۱/۵۱۲**	۰/۴۷۲
ضخامت گوشت میوه	ITS14-E, IJS10-A, SCoT21-B, ITS10-E, IJS5-B, ITS6-B, IJS10-F, CAAT6-B, IJS2-B, ITS13-D, ITS1-E, SCoT8-B, ITS8-C, CAAT5-C	۱۲/۰۲۵**	۰/۶۷۰
نسبت گوشت به هسته	ITS10-G, SCoT5-C, IJS9-A, SCoT4-A, IJS7-A, SCoT9-D	۱۲/۲۹۹	۰/۴۴۸
طول هسته	SCoT21-B, CAAT13-A, SCoT5-C, ITS2-E	۷/۹۵۸**	۰/۲۵۵
شکل هسته	IJS13-C, SCoT2-E, SCoT8-A, IJS8-D, CAAT16-A, CAAT13-D, ITS14-A, ITS14-B, IJS1-C, ITS4-C, ITS3-A, CAAT16-D, CAAT13-C, CAAT11-A, ITS2-F, CAAT6-C, SCoT7-A	۱۳/۲۴۹**	۰/۷۳۸
تعداد شیار	IJS2-B, ITS14-C, CATT3-A, ITS15-B, SCoT21-B, CATT3-B, ITS14-A, SCoT14-C, SCoT14-B, IJS7-C, ITS5-D, CAAT6-E, ITS11-G, SCoT9-D, IJS3-B, IJS10-F, ITS7-B, IJS4-C, ITS14-G, SCoT5-B, ITS3-F	۱۳/۱۰۸**	۰/۷۸۴
نوک هسته	CAAT11-C, ITS8-D, CAAT16-C, SCoT2-B	۸/۹۸۹**	۰/۲۷۹
وزن میوه	IJS9-A, SCoT21-B, ITS4-C, CAAT16-A, IJS7-B, SCoT5-C, ITS10-C	۱۰/۶۰۹**	۰/۴۵۲
وزن هسته	SCoT21-B, CAAT16-A, IJS1-B, SCoT7-B, ITS14-F, SCoT24-A, IJS7-B, SCoT3-D, SCoT4-C, IJS15-D, SCoT11-C, ITS7-B, CAAT2-B, SCoT5-D, ITS8-D	۱۰/۴۰۶**	۰/۶۵۶
وزن گوشت میوه	IJS9-A, SCoT7-B, SCoT21-B, ITS4-C, CAAT16-A, IJS7-B, SCoT5-C, CAAT13-A, SCoT3-D	۱۰/۱۴۲**	۰/۵۰۹

طبق نتایج حاصل از (جدول ۱۰) هر آل به طور جداگانه با صفاتی که پیوستگی دارد آورده شده از بین آل ها SCoT21-B(400bp) نشان داد بیشترین تعداد پیوستگی (۹ صفت) را دارد. بعد از آن آل IJS9-A(620bp) توانسته در ۵ صفت پیوسته باشد. آل های SCoT21-B(500bp)، CAAT16-A(460bp) و ITS4-C(360bp) در ۴ صفت مورد بررسی دارای پیوستگی بودند. آل SCoT21-B و IJS9-A در صفات طول میوه، وزن میوه و وزن گوشت میوه مشترک بودند. همچنین SCoT21-B با SCoT5-C علاوه بر صفات وزن میوه و وزن گوشت میوه در صفت طول هسته مشترک بودند. آل IJS9-A با SCoT5-C در صفات نسبت گوشت به هسته، وزن میوه و وزن گوشت میوه مشترک بودند. آل CAAT16-A علاوه بر پیوستگی با صفات وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته توانست با صفت کیفی شکل هسته نیز پیوستگی داشته باشد. آل های SCoT8-B(280bp)، ITS1-A(600bp)، IJS10-F(450bp)، ITS1-E(410bp)، ITS7-B(440bp)، SCoT3-D(346bp)، CAAT11-A(520bp)، SCoT7-B(630bp) و ITS8-D(340bp) در سه صفت پیوسته بودند. آل SCoT8-B(280bp) و ITS1-A(600bp) در صفات طول میوه و تقارن میوه

مشترک بودند اما در صفات اندازه عدسک که آلل ITS1-A و در صفت ضخامت گوشت میوه آلل SCoT8-B پیوسته بود. آلل SCoT7-B با آلل SCoT3-D(346bp) در صفات طول میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته مشترک بودند.

جدول ۱۰. لیست نام ال‌ها به همراه طول تقریبی نوار DNA آنها و صفات مرتبط و معنی‌دار با آنها بر اساس تجزیه ارتباط رگرسیونی

آلل	تعداد صفات	طول تقریبی نوار DNA	صفاتی که رابطه معنی‌داری با آلل مورد نظر داشتند
SCoT21-B	۹	۴۰۰	طول میوه، قطر میوه، تعداد عدسک، ضخامت گوشت میوه، طول هسته، تعداد شیار، وزن میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته
IJS9-A	۵	۶۲۰	طول میوه، پستانک، نسبت گوشت به هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه
SCoT5-C	۴	۵۰۰	نسبت گوشت به هسته، طول هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه
CAAT16-A	۴	۴۶۰	شکل هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته
ITS4-C	۴	۳۶۰	طول میوه، شکل هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه
SCoT8-B	۳	۲۸۰	طول میوه، تقارن میوه، ضخامت گوشت میوه
ITS1-A	۳	۶۰۰	طول میوه، تقارن میوه، اندازه عدسک
SCoT7-B	۳	۶۳۰	طول میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته
CAAT11-A	۳	۵۲۰	طول میوه، اندازه عدسک، شکل هسته
SCoT3-D	۳	۳۴۶	طول میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته
ITS7-B	۳	۴۴۰	طول میوه، تعداد شیار، وزن هسته
ITS1-E	۳	۴۱۰	شکل میوه، پستانک، ضخامت گوشت میوه
IJS10-F	۳	۴۵۰	محل بیشترین قطر عرضی میوه، ضخامت گوشت میوه، تعداد شیار
ITS8-D	۳	۳۴۰	محل شروع تغییر رنگ، نوک هسته، وزن هسته
IJS15-D	۲	۲۷۰	طول میوه، وزن هسته
SCoT4-C	۲	۴۰۰	طول میوه، وزن هسته
ITS2-E	۲	۲۱۰	طول میوه، طول هسته
SCoT11-C	۲	۴۸۰	طول میوه، وزن هسته
CAAT13-A	۲	۴۷۰	قطر میوه، وزن گوشت میوه
IJS9-C	۲	۴۶۰	تقارن میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه
SCoT4-A	۲	۴۶۰	تقارن میوه، نسبت گوشت به هسته
CATT3-C	۲	۴۲۰	تقارن میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه
CAAT16-C	۲	۴۶۰	تقارن میوه، نوک هسته
CAAT6-E	۲	۴۵۰	تقارن میوه، تعداد شیار
SCoT2-B	۲	۴۸۰	تقارن میوه، نوک هسته
IJS14-A	۲	۶۴۰	تقارن میوه، محل تغییر شروع رنگ
SCoT9-C	۲	۵۴۰	تقارن میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه
SCoT2-E	۲	۳۶۰	تقارن میوه، شکل هسته
SCoT7-A	۲	۶۴۰	تقارن میوه، شکل هسته
CAAT12-B	۲	۴۹۰	تقارن میوه، محل بیشترین قطر عرضی میوه
SCoT8-A	۲	۳۰۰	شکل میوه، شکل هسته
IJS1-B	۲	۵۳۰	شکل میوه، وزن هسته
IJS7-C	۲	۲۱۰	شکل میوه، تعداد شیار
ITS4-A	۲	۴۲۰	شکل میوه، پستانک
ITS13-D	۲	۲۷۰	شکل میوه، ضخامت گوشت میوه
ITS11-G	۲	۳۰۰	نوک میوه، تعداد شیار
CAAT13-C	۲	۴۸۰	نوک میوه، شکل هسته
ITS14-E	۲	۵۱۰	پستانک، ضخامت گوشت میوه
ITS15-B	۲	۴۵۰	پستانک، تعداد شیار
ITS14-F	۲	۴۲۰	پستانک، وزن هسته

پستانک، اندازه عدسک	۶۵۰	۲	SCoT12-D
پستانک، محل شروع تغییر رنگ	۴۷۰	۲	CAAT2-E
پستانک، وزن میوه	۴۷۰	۲	ITS10-C
تعداد عدسک، تعداد شیار	۵۰۰	۲	CATT3-A
تعداد عدسک، تعداد شیار	۵۲۰	۲	SCoT5-B
محل شروع تغییر رنگ، ضخامت گوشت میوه	۲۹۰	۲	ITS6-B
ضخامت گوشت میوه، تعداد شیار	۵۱۰	۲	IJS2-B
نسبت گوشت به هسته، تعداد شیار	۵۱۰	۲	SCoT9-D
شکل هسته، تعداد شیار	۷۱۰	۲	ITS14-A
وزن میوه، وزن گوشت میوه	۲۶۰	۲	IJS7-B

بحث

در پژوهش حاضر تنوع ژنتیکی قابل توجهی از لحاظ صفات مورفولوژیکی میوه زیتون مشاهده شد. مطابق با نتایج تحقیق حاضر، در پژوهش‌های قبلی نیز تنوع ژنتیکی ارقام زیتون از طریق نشانگرهای ریخت شناختی بررسی شده بود که نتایج حاصل از تجزیه واریانس آنها نیز نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد وجود دارد (Nezamivand Chegini et al., 2015).

در پژوهشی نشان داده شد رقم آمیگدالولیا برای صفات نسبت طول به عرض میوه (۶/۷۴)، طول میوه (۳/۳۳) و طول هسته بیشترین میزان را در بین ارقام مورد بررسی داشتند. همچنین رقم تفاهی بترتیب با میانگین ۹/۳۵ و ۸/۱۸ گرم بیشترین وزن میوه و وزن گوشت میوه را به خود اختصاص داد. در مقابل رقم کرونیکی از نظر صفات وزن میوه و وزن گوشت میوه به ترتیب با میانگین ۰/۸۹ و ۰/۷۱ گرم کمترین میزان این صفات را در بین ارقام داشت. ارقام کایسی و کورفولیا نیز به ترتیب واجد بیشترین و کمترین میزان نسبت گوشت به هسته در بین ژنوتیپ‌ها بودند (Ebadi et al., 2019).

در تحقیق دیگری تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های زیتون استان خوزستان مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این پژوهش نشان داد رقم کنسروالیا بیشترین تعداد میوه در خوشه و عملکرد میوه را داراست. همچنین آمیگدالولیا و آمفی سیس بیشترین میزان روغن را در بین سایر رقم‌ها داشتند. به طور کلی ارقام کنسروالیا، کرونیکی، محزم ابوالسطل بیشترین وزن میوه و عملکرد را در بین ارقام داشتند. (Ajamgard et al., 2012).

بررسی ارتباط بین صفات ارقام مختلف زیتون در منطقه علی‌آباد، طارم، منجیل، گیلوان و جمال‌آباد نشان داد، از بین صفات کمی مورد ارزیابی، بین صفات وزن گوشت میوه با وزن میوه (۰/۹۹۴**)، شکل هسته با شکل میوه (۰/۹۴۷**)، عرض میوه با وزن میوه و وزن گوشت با عرض میوه (۰/۸۷۴**) ارتباط مثبت معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد وجود دارد (Nezamivand Chegini et al., 2015).

در تحقیق دیگری جهت محاسبه وراثت‌پذیری عمومی و واریانس ژنتیکی تعدادی از صفات مهم گل و میوه زیتون، آزمایشی را در دو سال متوالی بر روی ۲۰ رقم در ایستگاه تحقیقاتی زیتون طارم استان زنجان انجام دادند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ارقام مورد نظر دارای تفاوت معنی‌داری با یکدیگر هستند. همچنین از نظر وراثت‌پذیری عمومی بالاترین و پائین‌ترین مقدار را به‌ترتیب صفات وزن تر هسته (۸۷/۰۵ درصد) و درصد تشکیل میوه نهایی (۷/۰۴ درصد) به خود اختصاص دادند. بین درصد روغن میوه با صفت نسبت گوشت به هسته همبستگی مثبت و معنی‌داری مشاهده شد. محققین بر اساس نتایج اظهار داشتند در مجموع تنوع قابل توجهی در بین ارقام زیتون بین صفات گل و میوه وجود دارد که امکان گزینش ارقام بهتر را با در نظر داشتن پارامترهای ژنتیکی فراهم می‌کند (Ahmadi et al., 2017). در پژوهشی که به منظور بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه ساختار ۱۰۸ نمونه زیتون کشت شده (*Olea europaea* L. ssp. *europaea* var. *europaea*) و هشت ژنوتیپ (*O. europaea* L. ssp. *cuspidata* (Wall. ex G. Don) Ciferri از کلکسیون ژرم پلاسما آمریکا با استفاده از ۱۵ مکان ژنی نشانگر ریزماهواره انجام شد، تنوع ژنتیکی قابل

توجهی بین نمونه‌های مختلف زیتون مشاهده شد. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای سیزده خوشه تشکیل شد که طبق تفسیر محققین این پژوهش با منشا جغرافیایی و ویژگی‌های میوه قابل توصیف بود (Koehmstedt et al., 2011).

در یک پژوهش دیگر، صفات رویشی و زایشی از جمله ارتفاع درخت، عرض تاج درخت، سطح مقطع تنه، تعداد گلاذین در شاخه، تعداد گل در گلاذین، درصد گل‌های کامل، درصد تشکیل میوه و همین‌طور صفات میوه از جمله وزن میوه، وزن هسته و نسبت گوشت به هسته (برای ۳۰ میوه از هر درخت)، عملکرد میوه در هر درخت و درصد روغن مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج حاصل نشان داد بین ارقام از نظر همه صفات رویشی و زایشی ارزیابی‌شده اختلاف معنی‌دار وجود دارند. رقم تی‌ایکی با وزن تر میوه ۱/۷۱ گرم، کمترین و رقم هالکیدیکی با ۸/۳۸ گرم، بیشترین وزن تر میوه را به خود اختصاص دادند. طبق نتایج بیشترین عملکرد میوه در رقم هالکیدیکی بدست آمد در حالی که رقم آگروماناکی دارای کمترین مقدار عملکرد شناسایی شد (Nourizadeh et al., 2019).

همچنین ۵۰ ژنوتیپ زیتون در استان خوزستان از لحاظ صفات میوه و هسته زیتون مورد بررسی قرار گرفت. نتایج این بررسی نشان داد که بر اساس تجزیه به عامل‌ها، ۱۲ مؤلفه در مجموع ۷/۷۸ درصد از واریانس کل صفات را توجیه نمودند و اولین مؤلفه ۴۲/۱۳ درصد از واریانس کل را به خود اختصاص داد. همین‌طور صفات‌های طول و عرض میوه، هسته و برگ، شکل هسته و برگ، خمش برگ، تعداد شیار هسته، قاعده میوه در موقعیت A، وزن هسته، سطح هسته در موقعیت B، تقارن هسته در موقعیت A، اندازه عدسک روی میوه، توزیع شیار روی هسته، تقارن هسته در موقعیت B از صفاتی بودند که در تفکیک ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آنها نقش داشتند. همچنین طبق نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های مورد بررسی به شش گروه مجزا تقسیم شدند (Safipour et al., 2021).

در تحقیق دیگری که بررسی تجزیه رگرسیون گام به گام برای عملکرد، انجام شد طول هسته و در مرحله بعد صفات تعداد گل کامل در گل آذین، تعداد گل در گل آذین و درصد روغن در ماده تر وارد مدل شدند و توانستند در مجموع به میزان ۷۷/۴ درصد از تغییرات عملکرد را توجیه کنند (Ebadi et al., 2019).

نتیجه‌گیری و پیشنهادها

تجزیه واریانس صفات مورد بررسی نشان داد تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بودند که نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی بسیار بالا در بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد ارزیابی می‌باشد. طبق نتایج حاصل از مقایسه میانگین ژنوتیپ کاریدولیا و D1 از نظر طول میوه و قطر میوه بزرگتری نسبت به بقیه ژنوتیپ‌ها داشتند، در حالی که از نظر صفت طول هسته ژنوتیپ آمیگدالولیا طول هسته بیشتری را داشت. همچنین ژنوتیپ D1 از نظر صفات وزن میوه، وزن گوشت میوه و وزن هسته بیشتری داشت. رقم کاریدولیا از نظر تعداد عدسک به دلیل بزرگ بودن اندازه میوه تعداد عدسک بیشتری نسبت به بقیه ژنوتیپ‌ها داشت. بین صفات طول میوه و قطر میوه ($0/909^{**}$)، بین وزن گوشت میوه با وزن میوه ($0/994^{**}$) بیشترین میزان همبستگی در سطح احتمال یک درصد وجود داشت. همچنین بین صفات وزن میوه با وزن هسته نیز ($0/842^{**}$) ارتباط مثبت و معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد شناسایی شد. نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون زمانی که وزن میوه به عنوان متغیر وابسته و بقیه صفات به عنوان متغیر مستقل در نظر گرفته شد نشان داد که وزن گوشت میوه و وزن هسته در سطح احتمال یک درصد بیشترین میزان ارتباط با وزن میوه را داشته است. در ادامه صفت وزن گوشت میوه به عنوان متغیر وابسته وارد مدل شد و سه صفت وزن میوه، نسبت گوشت به هسته (بیشترین میزان ارتباط) و طول میوه در سطح احتمال ۵ درصد با این صفت ارتباط داشتند. همچنین زمانی که صفت وزن هسته به عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد صفات وزن میوه، نسبت گوشت به هسته، قطر میوه و ضخامت گوشت میوه بیشترین ارتباط را با این صفت داشتند. بر اساس نتایج گروه‌بندی، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه تقسیم شدند از بین گروه‌ها، گروه سوم از نظر صفات طول میوه، طول هسته، وزن میوه، وزن گوشت میوه، وزن هسته، قطر میوه، ضخامت گوشت میوه، نسبت گوشت به هسته، اندازه عدسک و تعداد شیار بالاتری نسبت به سایر گروه‌ها داشت. از بین آل‌ها SCot21-B نشان داد بیشترین

تعداد ارتباط معنی‌دار (با ۹ صفت) را با صفات مختلف دارد. بعد از آن آلل IJS9-A توانست در پنج صفت رابطه معنی‌دار داشته باشد. از اطلاعات به دست آمده در این تحقیق می‌توان در برنامه‌های هیبریداسیون ارقام استفاده نمود.

سپاسگزاری

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از همکاری ایستگاه تحقیقات زیتون شهرستان طارم و مرکز تحقیقات کشاورزی استان زتجان جهت تأمین مواد گیاهی پژوهش حاضر تشکر و قدردانی نمایند.

منابع

- ابراهیم نیا، س.، سیفی، ا.، همتی، خ. و فریدونی، ح. (۱۳۹۸). بررسی تنوع ریخت شناختی بعضی از ژنوتیپ‌های زیتون منطقه گرگان. *پژوهش‌های تولید گیاهی (علوم کشاورزی و منابع طبیعی)*. ۲۶(۴): ۹۷-۱۱۳
- احمدی، ز.، سلیمانی، ع.، طاهری، م. و صبا، ج. (۱۳۹۶). روابط بین صفات گل و میوه در برخی ارقام زیتون در شرایط آب و هوایی طارم. *نهال و بذر*. ۳۳(۳): ۲۸۳-۲۹۷
- تقی زاده، ا.ع.، زینالو، ع.ا. و امینیان دهکردی، ر. (۱۳۹۹). ارزیابی میانگین‌گیری متحرک بر مطالعات سازگاری زیتون (*Olea europaea* L.). *نشریه علمی پژوهشی دانش کشاورزی و تولید پایدار*. ۳۰(۳): ۲۹۵-۳۰۹
- حسینی قیداری، ف. و طاهرزاد، ز. (۱۳۹۸). بررسی تنوع ژنتیکی دو ژنوتیپ برتر زیتون استان قم در مقایسه با برخی ارقام تجاری موجود در باغ فدک این استان با استفاده از صفات ریخت‌شناسی و نشانگرهای ISSR. *تولیدات گیاهی (مجله علمی کشاورزی)*. ۳۷۳-۳۸۶: ۴۲(۳)
- سیستانی، ف.، رمضان‌پور، س.س.، سلطانلو، ح. و سیفی، ا. (۱۳۹۱). تجزیه خوشه‌ای و تجزیه واریانس در ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های زیتون برای صفات کمی. *دوازدهمین کنگره ژنتیک ایران*. دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران.
- صادقیان مطهر، س.ی.، نانکلی، ع.، زینالو، ع.ع. و قنوتی، ف. (۱۳۹۷). دستورالعمل ملی برای انجام آزمایشات تمایز، یکنواختی و پایداری، مؤسسه گوهی و ثبت بذر و گیاه. ۲۶-۱
- صفی‌پور، س.، خالقی، ا. و معلمی، ن.ا. (۱۴۰۰). ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف زیتون در برخی از شهرستان‌های استان خوزستان با استفاده از نشانگر مورفولوژیک. *مجله تولیدات گیاهی*. ۴۴(۱): ۱۲-۱
- عبادی، ر.، بی‌همتا، م.ر. و بهمنی، ر. (۱۳۹۷). بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه رگرسیون برخی صفات در ۳۰ رقم زیتون ایرانی و خارجی با استفاده از صفات کمی و کیفی. *علوم باغبانی ایران*. ۴۹(۴): ۸۴۵-۸۵۸
- عجم‌گرد، ف. و زینالو، ع.ا. (۱۳۹۲). مقایسه عملکرد کمی و کیفی ارقام زیتون در شمال استان خوزستان. *مجله نهال و بذر*. ۲۹(۳)
- گل‌محمدی، م.، سفلیان، ا.، احمدی، ج.، طاهری، م.، قنبری، ع.ر. و رسولی، و.ا. (۱۳۹۷). ارزیابی تنوع ژنتیکی در برخی ارقام ایرانی و خارجی و ژنوتیپ‌های امیدوارکننده زیتون با استفاده از نشانگرهای ISSR. *مجله ژنتیک نوین*. ۱۳(۴): ۴۷۹-۴۸۷
- متقی، ل.، حسینی‌مزیانی، س.م. و جباری، ح. (۱۳۹۱). بررسی تنوع ژنتیکی برخی ارقام زیتون ایران با استفاده از نشانگرهای RAPDs. *گیاه و زیست بوم*. ۳۳(۳): ۸-۱۰۴
- مردی، م.، زین‌العابدینی، م.، زینالو، ع.ا.، خیام‌نکوئی، س.م.، جمالی، س.ح.، کاوند، ع.ا.، پتکی، پ.، احمدی، ک.، عبدی، س.، شمس‌کیا، ف.، خوشکام، ص.، طاهرزاد، ز. و لونی، ع.ا. (۱۳۹۵). کاربرد نشانگرهای ریزوماهواره جهت شناسایی و ثبت ارقام زیتون. *پژوهش‌های تولید گیاهی*. ۲۳(۱): ۲۱-۱
- نظاموند چگینی، م.، سمیع‌زاده لاهیجی، ح.، رضانی‌ملک‌رودی، م.، محسن‌زاده گلفزانی، م. (۱۳۹۴). بررسی تنوع ژنتیکی چهار رقم زیتون از طریق نشانگرهای ریخت‌شناختی. *به‌نژادی گیاهان زراعی و باغی*. ۳(۲): ۲۰۱-۲۱۳
- نوری‌زاده، م.، عظیمی، م. و عبدالهی، ع.ا. (۱۳۹۸). بررسی سازگاری تعدادی از ارقام زیتون یونانی در منطقه طارم. *نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان*. ۳(۲۶): ۱۵۳-۱۶۶

Rareness

Abdelhamid, S., Grati-kamiun, N., Marra, F. & Caruso, T. (2011). Genetic similarity among Tunisian cultivated olive estimated through SSR markers. *Scientia Agricola*. 70(1): 33-38.

- Ahmadi, Z., Soleimani, A., Taheri, M. & Saba, J. (2017). Correlation between flower and fruit characteristics in some olive cultivars in climatical conditions of Tarom. *Seed and Plant Improvement Journa*. 3(1): 283-297 (In Persian)
- Ajamgard, F. & Zeinaloo, A.A. (2013). Comparison of quantitative and qualitative yield of olive cultivars in north of Khuzestan province, Iran. *Seed and Plant Journal*. 29(3): 567-579(In Persian).
- Alba, V., Montemurro, C., Sabetta, W., Pasqualone, A. & Blanco, A. (2009). SSR-based identification key of cultivars of (*Olea europaea* L.) diffused in Southern-Italy. *Scientia Horticulturae*. 123: 11-16.
- Albertini, E., Torricelli, R., Bitocchi, E., Raggi, L., Marconi, G., Pollastri, L., Di Minco, G., Battistini, A., Papa, R. & Veronesi, F. (2011). Structure of genetic diversity in (*Olea europaea* L.) cultivars from central Italy. *Molecular breeding*. 27:533–547.
- An, Z.W., Xie, L.L., Cheng, H., Zhou, Y., Zhang, Q., He, X.G. & Huang, H.S. (2009) A silver staining procedure for nucleic acids in polyacrylamide gels without fixation and pretreatment. *Anal. Biochem*. 391(1):77-79.
- Anonymous. 2000.world catalogue of olive varieties. International of Olive Oil Council (IOC). printed in Spai
- Collard, B. C., & Mackill, D. J. (2009). Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant molecular biology reporter*, 27, 86-93.
- Ebadi, R., Bihanta, M.R. & Bahmani, R. (2019). Assessment of genetic variation between some of the Iranian and foreign olive cultivars with using of quantitative and qualitative traits. *International Journal of Horticultural Science*. 845-858. (In Persian)
- Ebrahimnia, S., Seifi, E., Hemmati, K.h. & fereidooni, H. (2019). Study of morphological diversity in some olive genotypes of Gorgan region. *Journal Plant Production*. 26(4): 97-113. (In Persian)
- Ercisli, S., Ipek, A. & Barut, E. (2011). SSR marker-based DNA fingerprinting and cultivar identification of olives (*Olea europaea* L.). *Biochemical genetics*, 49(9), 555-561.
- Ghanbari, A. & Estaji, A. (2019). ISSR analysis for determination of genetic diversity in 29olive (*Olea europaea* L.) cultivars. *Iranian journal of Genetics and Plant Breeding*. (1)7: 31-40 (In Persian).
- Golmohammadi, M., Sofalian, O., Ahmadi, J., Taheri, M., Ghanbari, A. & Rasoli, V. (2018). Evaluation of genetic variation in some Iranian and foreign cultivars and promising genotypes of Olive using ISSR markers. *Modern Genetics Journal* 13(4): 479-487(In Persian)
- Hosseini Gheydari, F. & Tahernezhad, Z. (2019). Genetic Analysis of Some Genotypes and Varieties of Olive in Qom Province Using Morphological and ISSR Markers. *Scientific Journal of Agriculture*. 42(3): 373-386. (In Persian)
- IBM Corp. Released. 2010. IBM SPSS Statistics for Windows, Version 19.0. Armonk, NY: IBM Corp.
- Koehmstedt, A.M., Aradhya, M.K., Soleri, D. Smith JL & Polito V.S. (2011). Molecular characterization of genetic diversity, structure, and differentiation in the olive (*Olea europaea* L.) germplasm collection of the United States Department of Agriculture. *Genet Resour Crop Evol* 58: 519–531. <https://doi.org/10.1007/s10722-010-9595-z>
- Marde, M., Zeinalabedini, M., Zeinaloo, A.A., Khayam Nekouei, M., Jamali, S.H., Kavand, A.R., Potki, P., Ahmadi, K., Abdi, S., Shamskia, F., Khoshkam, S., Tahernejad, Z. & Loni, A.A. (2016). Application of Microsatellite Markers for Identification and Registration of Olive Cultivars. *Journal of Plant Production Research*. 23(1): 1-21.
- Milotic, A., Setic, E., Persuric, D., Poljuha, D., Sladonja, B. & Brscic, K. (2005). Identification and characterization of autochthonous olive varieties in Istria. *Annales, Series Historia Naturalis*. 15 (2): 251-256.
- Motaghi, L., Mazinani, S.M. & Jabari, H. (2012). Evaluation of genetic diversity in some Iranian olive cultivars using RAPD markers. *Plant ecology system*. 33:91-104. (In Persian)
- Nezamivand Chegini, M., Samizadeh Lahiji, H., Ramezani Malakroodi, M., & Mohsenzadeh Golfazani, M. (2015). Assessment of genetic diversity among four olive cultivars using morphological markers. *Journal of Applied Crop Breeding*, 3(2), 201-213. (In Persian)
- Nourizadeh, M., Azimi, M. & Abdullahi, A.A. (2019). Study on the adaptability of the some Greek olive varieties in Tarom region. *Journal of Plant Production*. 3(26): 153-166
- Omrani-Sabbaghi, A., Shahriari, M., Falahati-Anbaran, M., Mohammadi, S.A., Nankali, A., Mardi, M. & Ghareyazie, B. (2007). Microsatellite markers-based assessment of genetic diversity in Iranian olive (*Olea europaea* L.). *Collections Scientia Horticulturae*. 112: 439–447.
- Rafalski, A., Gidzinska, M. & Wisniewska, I. (1997). PCR-based systems for evaluation of relationships among maize inbreds. *Genetics and Biotechnology of Maize and Sorghum*. Royal Society Chemistry Cambridge, UK, pp. 106-111.
- Ramesh, P., Mallikarjuna, G., Sameena, S., Kumar, A., Gurulakshmi, K., Reddy, B. V. & Sekhar, A. C. (2020). Advancements in molecular marker technologies and their applications in diversity studies. *Journal of Biosciences*. 45: 123.
- Sadeghian Motahar, S.Y., Nankali, A., Zinanlo, A.A. & ghanavati, F. (2019). National Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability, *Seed and Plant Certification and Registration Institute*. 1-26 (In Persian)
- Safipour, S., Khaleghi, E. & Moallemi N. (2021). Evaluation of genetic diversity of different olive genotypes in some cities of Khuzestan province using morphological marker. *Plant Productions*. 44(1): 1-12. (In Persian)
- Saghai-Marouf, M.A., Soliman, K.M., Jorgensen, R.A. & Allard, R.W. (1984). Ribosomal DNA sepcer length polymorphism in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 81(24): 8014–8019.
- Singh, A.K., Rana, M.K., Singh, S., Kumar, S., Kumar, R. & Singh, R. 2014. CAAT box-derived polymorphism (CBDP): a novel promoter-targeted molecular marker for plants. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*. 23: 175- 183

- Sistani, F., Ramezanpour, S.S., Soltanloo, H. & Seifi, E. (2012). Cluster Analysis and Variance Analysis in Evaluation of Genetic Diversity Olive Genotypes for Quantitative Traits. 12th Iranian Genetics Congress, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran. (In Persian)
- Taghizadeh, A.A., Zeinaloo, A.A. & Aminian Dehkordi, R. (2019). Selecting a suitable cultivar for olive cultivation in Tarom climate. *Journal of Olive Production and Processing*. 1(1):1-9. (In Persian)
- Taghizadeh, A.A., Zeinaloo, A.A. & Aminian Dehkordi, R. (2020). Evaluation of Moving Averages on Stability Studies of Olive (*Olea Europaea* L.). *Journal of Agricultural Science and Sustainable Production*. 30(3):295-309 (In Persian)

Investigating the genetic diversity of fruit traits and their relationship with molecular markers in olive genotypes

Abstract

This research was conducted to investigate the genetic diversity and the relationship between molecular markers and fruit-related traits in 98 olive genotypes during 2019-2021 at Gonbadkavous University. To evaluate the characteristics of fruit length, fruit diameter, fruit symmetry, fruit shape, position of maximum diameter, fruit apex, nipple, presence of lenticels, size of lenticels, site of color change initiation, flesh thickness, flesh-to-stone ratio, stone length, stone shape, number of grooves, stone apex, fruit weight, fruit flesh weight, and stone weight, 150 fruits from each genotype were selected. All the investigated traits among olive genotypes were significant at the 1% probability level, indicating very high genetic diversity among the genotypes. Mean comparisons showed that "Caridolia" and "D1" had superior fruit length and diameter, while 'D1' also excelled in fruit weight, fruit flesh weight, and stone weight. The 'Amygdalolia' genotype had the longest stone length. The highest significant positive correlations were observed between fruit length and diameter (0.909*), and between fruit flesh weight and fruit weight (0.994*). Regression analysis indicated that fruit flesh weight and stone weight had the highest correlation with fruit weight at the 1% probability level. Additionally, fruit weight, flesh-to-stone ratio, fruit diameter, and flesh thickness were most related to fruit weight. Genotypes were divided into four groups based on fruit traits, with the third group being superior in traits such as fruit length, stone length, fruit weight, fruit flesh weight, stone weight, fruit diameter, flesh thickness, flesh-to-stone ratio, size of lenticels, and number of grooves. The results of association analysis between CAAT, ScoT, ITS, and IJS markers and various traits revealed that fruit length, fruit symmetry, nipple, stone shape, number of grooves, and stone weight were controlled by multiple alleles. Among these traits, fruit symmetry, nipple, and number of grooves had the highest cumulative coefficient of determination. The allele SCoT21-B showed the strongest association with nine traits, followed by the allele IJS9-A with five traits. The findings from this research can be applied to breeding programs to develop cultivars with enhanced yield.

Keywords: Association analysis, Phenotypic diversity, Regression, DNA markers.

Extended Abstract

Introduction

Olive (*Olea europaea* L.) is one of the oldest plants in the Mediterranean region. With advancements in science and increased awareness, olive consumption has significantly expanded. Olive oil, rich in oleic acid, is highly valued for its therapeutic and medicinal properties. In Iran, olives are particularly important due to their high oil content. Understanding different genotypes and investigating genetic relationships are crucial for genetic studies. Describing the genetic structure and conducting molecular studies to identify various olive genotypes require the use of molecular markers, which are powerful tools for such analyses. Identifying morphological traits is a key step in examining genetic diversity, as these traits are easily measurable and reflect the genetic diversity of a plant in interaction with environmental conditions.

Materials and Methods

This research aimed to investigate the genetic diversity and the relationship between molecular markers and fruit-related traits in 98 olive genotypes obtained from the Tarem Olive Research Station of Zanjan Province during 2019-2021 at Gonbadkavous University. To evaluate the characteristics of fruit length, fruit diameter, fruit symmetry, fruit shape, position of maximum diameter, fruit apex, nipple, presence of lenticels, size of lenticels, site of color change initiation, flesh thickness, flesh-to-stone ratio, stone length, stone shape, number of grooves, stone apex, fruit weight, fruit flesh weight, and stone weight, 150 fruits from each genotype were selected. Fresh and young leaves of olive trees were sampled for DNA extraction. The leaves were powdered using liquid nitrogen and extracted using the CTAB method. DNA quality was checked using horizontal electrophoresis with 0.8% agarose gel. PCR reactions were performed using CAAT, ScoT, ITS, and IJS markers. SPSS software version 24 was used to analyze the relationship between morphological traits and the analysis between morphological and molecular traits.

Results and Discussion

All the investigated traits among olive genotypes were significant at the 1% probability level, indicating very high genetic diversity among the genotypes. Average comparisons showed that "Caridolia" and "D1" had superior fruit length and diameter,

while 'D1' also excelled in fruit weight, fruit flesh weight, and stone weight. The 'Amygdalolia' genotype had the longest stone length. The highest significant positive correlations were observed between fruit length and diameter (0.909*), and between fruit flesh weight and fruit weight (0.994*). Additionally, there was a positive and significant correlation between fruit weight and stone weight (0.842**) at the 1% probability level. Regression analysis, with fruit weight as the dependent variable and other traits as independent variables, showed that fruit flesh weight and stone weight had the highest correlation with fruit weight at the 1% probability level. Furthermore, fruit weight, flesh-to-stone ratio, fruit diameter, and flesh thickness were most related to fruit weight. Genotypes were divided into four groups based on fruit traits, with the third group being superior in traits such as fruit length, stone length, fruit weight, fruit flesh weight, stone weight, fruit diameter, flesh thickness, flesh-to-stone ratio, size of lenticels, and number of grooves. Association analysis between molecular markers and various traits revealed that fruit length, fruit symmetry, nipple, stone shape, number of grooves, and stone weight were controlled by multiple alleles. Among these traits, fruit symmetry, nipple, and number of grooves had the highest cumulative coefficient of determination. The allele SCoT21-B showed the strongest association with nine traits, followed by the allele IJS9-A with five traits.

Conclusion

This study reveals significant genetic diversity among olive genotypes, with 'Caridolia' and 'D1' showing superior fruit traits. Strong correlations were found between key traits, and regression analysis highlighted fruit flesh weight and stone weight as major factors influencing fruit weight. Molecular marker analysis identified important alleles, with SCoT21-B showing the strongest association with multiple traits. These findings are valuable for breeding programs aimed at improving olive cultivars.

Keywords: Association analysis, Phenotypic diversity, Regression, DNA markers.