Iranian Journal of Horticultural Science
Vol 51, No 3, Autumn 2020 (645-655)
DOI: 10.22059/ijhs.2019.276632.1606

علوم باغبانی ایران
دورهٔ ۵۱، شمارهٔ ۳، پاییز ۱۳۹۹ (ص ۶۵۵-۶۴۵)

تجزیه میانگین نسل‌ها جهت برآورد عمل ژن‌ها و وراثت‌پذیری صفات مرتبط با میوه طالبی (*Cucumis melo* L.)

فاطمه امینی[۱]، نگار تن سازی[۲]، حسین رامشینی[۳*]، محمود لطفی[۳] و محسن ابراهیمی[۳]
۱، ۲ و ۳. استادیار، دانش‌آموخته کارشناسی ارشد و دانشیار، پردیس ابوریحان دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران
(تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۱۲/٤ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۵/۳)

چکیده

به منظور تعیین نحوه توارث و تخمین پارامترهای ژنتیکی در صفات مهم میوه طالبی و همچنین گزینش بهترین گیاهان، نسل‌های P_1، P_2، F_1، F_2، BC_1 و BC_2 حاصل از تلاقی دو والد گینسن× سمسوری تهیه و در شرایط مزرعه، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت شد. تجزیه میانگین نسل‌ها با استفاده از مدل شش پارامتری نشان داد که در وراثت صفات تعداد میوه در بوته، شاخص رنگ سبز گوشت، شاخص شفافیت گوشت، عرض میوه، وزن میوه، ضخامت گوشت و قطر حفره بذری کلیه اثرات افزایشی، غالبیت واپیستازی مؤثر بود. مقدار بیشتر جزء افزایشی (a) در صفت طول میوه نشان داد که روش‌های مبتنی بر گزینش برای اصلاح این صفات مناسب هستند. مقدار بیشتر جزء غالبیت (d) در صفات شاخص رنگ سبز گوشت، شاخص شفافیت گوشت، عرض میوه، شاخص شکل میوه، میزان قند، ضخامت گوشت و قطر حفره بذری نشان داد که روش‌های تولید هیبرید برای اصلاح این صفات مناسب هستند. بیشترین وراثت‌پذیری خصوصی (۰/۷۸) در صفت شاخص شکل میوه مشاهده شد. نتایج این تحقیق نشان داد می‌توان در جمعیت‌های در حال تفرق گیاهان مطلوب را انتخاب کرده و با خودگشنی، در نسل‌های آینده لاین‌های مناسب تولید کرد که صفات مطلوب دو والد را دارا باشند. در نسل‌های در حال تفرق بهترین گیاهان گزینش شد و به منظور ادامه برنامه اصلاحی بذر آن ها جمع‌آوری شد.

واژه‌های کلیدی: تفکیک متجاوز، سمسوری، گینسن ماکووآ.

Generation mean analysis to estimation gene action and heritability of significant traits associated with cantaloupe fruit (*Cucumis melo* L.)

Fatemeh Amini[1], Negar Tansazi[2], Hossein Ramshini[3*], Mahmood Lotfi[3] and Mohsen Ebrahimi[3]
1, 2, 3. Assistant Professor, Former M.Sc. Student and Associate Professor, University College of Aburaihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran
(Received: Feb. 23, 2019- Accepted: Jul. 25, 2019)

ABSTRACT

In order to determine the inheritance mode and estimation of genetic parameters of important traits associated with fruit in cantaloupe the generations of P1, P2, F1, F2, BC1 and BC2 obtained from the cross Ginsen Makuwa × Samsoori were evaluated in a randomized complete block design with three replications in a field experiment. Generation mean analysis showed that flesh green color index, flesh brightness index, fruit width, fruit weight, flesh thickness and seed cavity diameter are controlled by additive, dominance and epistasis effects. The higher additive affect (a) in fruit length and flesh crispy index implying that selection will be effective for improvement of these traits in early generations. Higher dominant effect (d) for mean fruit weight, flesh green color index, flesh brightness index, fruit width, fruit shape index, sugar content and seed cavity diameter showed that hybrid development is a suitable way for improving them. High narrow-sene heritability estimates (0.78) were found for fruit shape index. The results of this study showed that it is possible to select desirable plants from segregating populations and selfing them to produce suitable lines for future generations that have the desirable traits of both parents. The best plants were selected in the segrigating generations and their seeds were collected in order to continue the breeding program.

Keywords: Ginsen Makuwa, Samsoori, trangressive segregation.

* Corresponding author E-mail: ramshini_h@ut.ac.ir

مقدمه

طالبی (*Cucumis melo* L.) گیاهی است دیپلوئید (۲n=۲x=۲۴) و به خاطر زودرسی، مورد توجه بسیاری از جالیزکاران قرار گرفته است و تقریباً کشت آن در تمامی مناطق دنیا مرسوم است (Kerje & Grum 2000). کشور ما ایران یکی از مراکز مهم تنوع ژنتیکی ملون‌ها می‌باشد و کشت انواع ملون‌ها از رایج‌ترین و سودآورترین میوه‌های جالیزی تابستانه در کشور به‌شمار می‌رود.

توده‌های موجود طالبی در ایران متأسفانه دارای نقاط ضعف فراوانی هستند. یکی از مهمترین این نقاط ضعف میزان قند پایین میوه است. به طوری که برای تهیه آب میوه و فالوده معمولا شکر به آن اضافه می‌شود. این در حالی است که ارقام اصلاح شده خارجی میزان قند بسیار بالاتری داشته و حتی گاهی این میزان قند به ۱۴ نیز می‌رسد. همچنین ارقام ایرانی تعداد میوه کمی دارند. با کاهش تعداد نفرات خانواده امروزه استقبال برای میوه‌های بزرگ کمتر شده و بنابراین بهتر است ارقامی تولید کرد که تعداد میوه بیشتر ولی وزن کمتری داشته باشند. در این بین یکی از انواع مهم توده‌های طالبی ایران سمسوری است که با نام تجاری نیاگارا در بازار به فروش می‌رسد. این توده با وجود دارا بودن عطر، طعم و شکل میوه مناسب، دارای مشکلاتی از جمله کم بودن میزان شیرینی میوه و تعداد کم میوه در هر بوته است.

در بین ژنوتیپ‌های مقاوم و شناخته‌شده خارجی با توجه به مشاهدات به‌دست‌آمده و بررسی منابع، رقم گینسن ماکووا ژاپنی (Ginsen Makuwa var. *makuwa*) دارای بسیاری از صفات مطلوب از جمله شیرینی مناسب و همچنین تعداد میوه بالاست که می‌تواند به‌عنوان والد مناسب برای اصلاح رقم سمسوری به‌کار گرفته شود. این رقم یک رقم اصلاح شده بوده که در کشورهایی مانند کره و ژاپن کشت می‌شود.

توده سمسوری در سطح وسیعی در استان تهران و استان‌های اطراف کشت می‌شود و همان‌طورکه گفته شد دارای نقاط ضعف متعددی است. همچنین بذر این رقم در حال حاضر در داخل کشور به‌صورت غیر رسمی تولید و بسته‌بندی می‌شود و در صورتی‌که بتوان این رقم را اصلاح کرد، قطعاً کشاورزان از رقم جدید استقبال می‌کنند.

اطلاع در مورد چگونگی نحوه توارث صفات اولین گام برای اصلاح یک رقم می‌باشد. با انجام تلاقی بین لاین‌های خالص و تهیه بذور نسل‌های F_1، F_2، BC_1 و BC_2 و از طریق تجزیه و تحلیل میانگین نسل‌ها می‌توان روابط ژنتیکی موجود بین گیاهان در درون و بین نسل‌ها را تعیین و پارامترهای ژنتیکی را برآورد نمود (Moradi Ashour *et al*., 2006). انتخاب روش اصلاحی مناسب برای بهره‌برداری بهتر از پتانسیل ژنتیکی صفات مختلف در یک گیاه بستگی به نوع عمل ژن‌های کنترل‌کننده صفت و نحوه توارث آنها دارد (Zare *et al*., 2008). نوع عمل ژن و نحوه توارث صفات در گیاهان مختلف مطالعه شده است. در پژوهش Barros *et al.* (2011) گزارش شد که سفتی گوشت و میزان مواد جامد محلول از طریق اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژنی کنترل می‌شوند. در صفات ضخامت گوشت و اندازه حفره اثر افزایشی ژن‌ها نقش مهمتری داشتند.

در پژوهشی به منظور بررسی چگونگی عمل ژن‌ها، وراثت‌پذیری و برآورد تعداد عوامل مؤثر در کنترل ژنتیکی عملکرد و برخی از صفات مرتبط با آن در خربزه، شش نسل P_1، P_2، F_1، F_2، BC_1، BC_2 در مزرعه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کاشته شدند (Feyzian *et al*., 2009). تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد در تلاقی تاشکندی× میرپنجی برای کلیه صفات بررسی شده به غیر از روز تا رسیدگی و طول میوه اثرات افزایشی و غالبیت در کنترل صفات دخالت داشته و اثرات اپیستازی نقشی نداشتند.

توده‌های بومی موجود در کشور اگرچه سازگاری خوبی با شرایط آب و هوایی دارند، ولی میزان قند میوه در آنها پایین است. این در حالی است که رقم‌های ملون خارجی که بیشتر در فصل بهار روانه بازار می‌شوند شیرینی میوه بسیار بالایی دارند. رفته‌رفته گرایش مصرف‌کنندگان به سوی رقم‌های شیرین تر خارجی سوق یافته است و ممکن است همین امر موجب ترغیب کشاورز به خرید آن بذور

شده و کشت رقم های داخلی از بین برود. با توجه به مشاهده‌های به‌دست‌آمده از نقاط ضعف و قوت رقم گینسن ماکووا ژاپنی و توده سمسوری به نظر می‌رسد بتوان با تلاقی این دو رقم صفات مطلوب و موردنظر را در یک یا چند گیاه پیدا کرد و طی نسل‌های آینده به رقمی دست یافت که ویژگی‌های مفید هر دو را داشته باشد و بتوان آن رقم را معرفی کرد. هدف اصلی این تحقیق تعیین نحوه توارث و تخمین پارامترهای ژنتیکی در صفات مهم میوه طالبی در جمعیت‌های به‌دست‌آمده از تلاقی دو والد گینسن× سمسوری است. همچنین هدف بعدی این مطالعه شناسایی و گزینش بهترین گیاهان در نسل F2 یا نسل‌های تلاقی برگشتی بود تا بتوان با روش شجره‌ای آنها را خودگشن کرد و در نسل‌های بعدی لاین‌هایی به‌دست آورد که میزان قند بالا داشته باشند و هم زمان مشخصات ظاهری مناسب طالبی‌های ایرانی را نیز دارا باشند.

مواد و روش‌ها

به منظور انجام آزمایش بذر رقم سمسوری با نام تجاری نیاگارا از بانک ژن پردیس ابوریحان تهیه شد. همچنین بذر رقم ژاپنی گینسن ماکووا از بانک ژن IPK (با شماره دسترسی CUM 193) تهیه شد. رقم سمسوری رقمی زودرس است که دارای میوه‌های کرم رنگ، گرد، با خط‌های سبزرنگ و مشبک با وزن تقریبی نیم تا ۱/۵ کیلوگرم است. رنگ گوشت سبز دارد. تعداد میوه در هر بوته بین ۱ تا ۴ میوه است (Pouyesh *et al.*, 2017). رقم گینسن ماکووا در کشور های شرق دور کشت می‌شود. میوه‌ای کوچک و اندکی کشیده دارد. رنگ میوه زرد تا سفید است. گوشت سفید رنگ دارد. شیرینی میوه بسیار بالاست. حفره بذری بزرگ دارد و زودرس است. در هر بوته تا ۱۰ میوه نیز می‌توان یافت (Monforte *et al.*, 2014). در طی آزمایش‌های قبلی هر دو رقم خودگشن شده بودند و هیچ تنوعی در نتاج آنها دیده نشد. بنابراین این دو رقم خلوص بسیار بالایی داشته و با احتمال بالایی می‌توان گفت درجه خلوص آنها نزدیک به ۱ است. رقم گینس به‌عنوان والد پدری و توده سمسوری به‌عنوان والد مادری در تلاقی‌ها استفاده شد. ابتدا تلاقی سمسوری (P1)× گینسن (P2) در بهار ۱۳۹۵ در مزرعه تحقیقاتی پردیس ابوریحان انجام شد، بدین ترتیب نسل F1 حاصل از آن به‌دست آمد. سپس در پاییز ۱۳۹۵ در گلخانه با خودباروری نسل F1، نسل F2 ایجاد شد و برای تهیه نسل‌های BC1 و BC2 والدین با F1 تلاقی داده شدند. بدین ترتیب بذور شش نسل مورد نیاز تهیه شد. در بهار ۱۳۹۶ بذور حاصل در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳ تکرار کشت شدند. در هر تکرار از P1، P2 وF1 هر کدام ۱۵ بوته،BC1 و BC2 هر کدام ۴۵ بوته و از F2 تعداد ۷۵ بوته کشت گردید. همچنین فاصله بین ردیف‌ها دو متر و فاصله بین بوته‌های هر ردیف ۷۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد.

میوه‌های هر بوته پس از رسیدن و برداشت به کمک ترازو وزن شده و سپس به‌صورت مقطعی برش داده شد تا ضمن تخلیه بذور برای سایر اندازه‌گیری‌ها آماده شوند. صفات مشبک‌بودن یا خط‌دار بودن پوست میوه، خط‌دار بودن یا صاف بودن پوست میوه، تعداد میوه در هر بوته، شاخص رنگ سبز گوشت، شفافیت و درخشندگی گوشت، طول و عرض میوه‌ها، قطر حفره بذری، ضخامت گوشت، میزان مواد جامد محلول و میانگین وزن میوه اندازه‌گیری شد. صفت مشبک‌بودن پوست میوه در برابر خط‌دار بودن پوست بدین صورت برآورد شد که مشخصات تمام میوه‌ها یادداشت شد و در هر نسل تعداد میوه‌های با پوست مشبک و صاف مشخص شد سپس اعداد به‌دست‌آمده را با استفاده از آزمون کای اسکور در هر نسل را با فرضیات مدل های تک ژنی، چند ژنی و اپیستازی آزمون کرده و مدل مناسب برآورد شد. در مورد صفت خط‌دار بودن پوست میوه در برابر صاف و بدون خط بودن پوست به همین صورت محاسبات انجام شد. برای تصویربرداری میوه‌ها از دوربین دیجتال Nikon (مدل Coolpix s4400) و دستگاه ماشین بینایی طراحی و ساخته شده توسط Mansoori *et al.* (2014) استفاده شد. پس از برداشت، میوه‌ها را همراه با اتیکت مشخصات آنها درون پلاستیک قرار داده و به بانک ژن پردیس ابوریحان منتقل شدند. میوه‌ها از وسط به دو نیم تقسیم شدند و یک تصویر از قسمت برش خورده و

تصویر دیگر از قسمت پشت میوه تهیه شد. پس از اینکه تصاویر از تمامی میوه‌ها تهیه شد، برای تعیین طول و عرض میوه‌ها، قطر حفره بذری و ضخامت گوشت با به‌کارگیری نرم‌افزار Matlab تصاویر مورد پردازش قرار گرفتند و خروجی آنها برای آنالیزهای بعدی به‌صورت فایل اکسل ثبت و ذخیره گردید. مقدار مواد جامد محلول در میوه نیز با استفاده از دستگاه رفرکتومتر دستی (فام نگار) تعیین شد. بدین صورت که چند قطره از عصاره میوه را روی منشور رفرکتومتر ریخته و سپس با تنظیم عدسی شیئی میزان مواد جامد محلول قرائت شد.

جهت انجام تجزیه‌های آماری آزمون‌های نرمال‌بودن داده‌ها انجام و نسل‌های موجود برای صفات مختلف مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند و با مشاهده تفاوت معنی‌دار در بین نسل‌ها، تجزیه میانگین نسل‌ها برای صفات انجام شد. تجزیه میانگین نسل‌ها برای صفاتی که تفاوت نسل‌های آن معنی‌دار شده بود با استفاده از روش Mather & Jinks (1982) انجام گرفت.

مدل تجزیه میانگین نسل‌ها طبق Mather & Jinks (1982) به ترتیب زیر است:

$$Y= m + \alpha[a] + \beta[d] + \alpha^2 [i] + 2\alpha\beta[j] + \beta^2[l]$$

که در آن Y میانگین یک نسل، m میانگین کلیه نسل‌ها در یک تلاقی، a برآیند اثرهای افزایشی، d برآیند اثرهای غالبیت، i اثر متقابل افزایشی× افزایشی، j اثر متقابل افزایشی× غالبیت، l اثر متقابل غالبیت× غالبیت و α، β، α^2، $2\alpha\beta$ و β^2 ضرایب پارامترهای ژنتیکی هستند.

برای برآورد پارامترهای ژنتیکی به‌دلیل تفاوت در تعداد افراد و واریانسها در هر نسل، از روش حداقل توانهای دوم وزنی استفاده شد. وزن‌ها به‌صورت عکس واریانس میانگین هر نسل در نظر گرفته شدند. برای کلیه صفات مدل‌های سه پارامتری مشتمل بر m، a و d بررسی و در صورت عدم کفایت مدل سه پارامتری اثرهای افزایشی، غالبیت و اپیستازی در مدل چهار، پنج و شش پارامتری با روش Hayman (1958) برآورد شدند و معنی‌دار بودن آنها با آزمون t مورد بررسی قرار گرفت.آزمون مقیاس مشترک به‌منظور استفاده از ترکیب تمام سری‌های آزمون مقیاس به جای آزمون کردن تک تک روابط و استفاده از اطلاعات کلیه نسل‌ها به‌کار رفت. در این روش پارامترهای مدل از میانگین تمامی نسل‌های موجود برآورد می‌شود و سپس میانگین‌های مشاهده‌شده با میانگین‌های مورد انتظار که از برآورد پارامترهای مذکور حاصل می‌شود، مقایسه می‌گردد. مطابق روش Mather & Jinks (1982) مدل‌های سه، چهار و پنج پارامتری برای شناسایی نحوه عملکرد ژن‌ها درتوارث تمام صفات مورد بررسی قرار گرفتند که در این مطالعه تنها مدل سه و چهار پارامتری به‌وسیله آزمون نیکویی برازش با استفاده از آزمون مربع کای با درجه آزادی یک و دو برای نیکویی برازش آزمون شد و مدل پنج پارامتری به دلیل نبود نسل‌های کافی و صفر شدن درجه آزادی آزمون مربع کای نتوانست آزمون شود. در نهایت مدلی برگزیده شد که اولاً تمام اجزای آن معنی‌دار، ثانیاً خطای استاندارد آن کمتر از حالات دیگر بوده و کای اسکور آن غیرمعنی‌دار باشد. این آزمون در مقایسه با آزمون معیار انفرادی، مقدار بیشتری از کفایت مدل افزایشی غلبه را برآورد می‌کند، یعنی بهترین برآورد ممکن برای تمامی پارامترهای موردنیاز برای احتساب تفاوتهای بین میانگین خانواده‌هارا ارائه می‌کند.

همچنین وراثت‌پذیری خصوصی (۱) و عمومی (۲)، درجه غالبیت (۳) و هتروزیس (۴ و ۵) با استفاده از فرمول‌های زیر محاسبه شدند.

$$H_n = \frac{V_A}{V_P} \quad (۱)$$

$$H_b = \frac{V_A + V_D + V_{AD}}{V_P} \quad (۲)$$

$$D = \sqrt{\frac{V_D}{V_A}} \quad (۳)$$

هتروزیس (نسبت به میانگین والدین MP) و هتروبلتیوزیس (نسبت به والد برتر BP) به‌روش زیر محاسبه شد (Fonseca & Patterson, 1968):

$$\text{Heterosis}= (F_1 - MP)/ MP \quad (۴)$$

$$\text{Heterobeltiosis}= (F_1 - BP)/BP \quad (۵)$$

خطای استاندارد برای هتروزیس و هتروبلتیوزیس به ترتیب با روابط ۸ و ۹ محاسبه شد (Roy, 2000).

$$SE_H=\sqrt{(3MSE/2r)} \quad (۸)$$

$$SE_{HB}=\sqrt{(2MSE/r)} \quad (۹)$$

نتایج و بحث

تجزیه واریانس صفات موردبررسی نشان‌دهنده وجود تفاوت معنی‌دار بین نسل‌ها (تیمارها) از نظر کلیه صفات ارزیابی‌شده می‌باشد (جدول ۱). شکل ۱ تفاوت بین میوه در نسل‌های P1، P2 و F1 را نشان می دهد. وجود تفاوت معنی‌دار بین تیمارها بیانگر وجود تنوع ژنتیکی در مواد مورد بررسی از نظر صفات مورد مطالعه می‌باشد و امکان تجزیه و تحلیل ژنتیکی را فراهم می‌کند. میانگین و انحراف معیار هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در نسل‌های مختلف، در جدول ۲ نشان داده شده است. در بعضی صفات مانند ضخامت گوشت میوه و قطر حفره بذری فرزندان (نسل F1) در حد واسط والدین قرار گرفتند.

برای صفات طول میوه، ضخامت گوشت، شاخص شفافیت گوشت و قطر حفره بذری والد نیاگارا دارای بیشترین مقدار و والد گینسن دارای کمترین مقدار در بین شش نسل بود، اما در مورد صفت تعداد میوه در بوته این روند برعکس و والد گینسن بیشترین مقدار و نیاگارا کمترین مقدار را داشت. میزان مواد جامد محلول در نسل F_1 بیشترین و در نسل P_1 دارای کمترین مقدار بود (جدول ۲).

نتایج مربوط به بررسی هتروزیس (نسبت به میانگین والدین) و هتروبلتیوزیس (نسبت به والد برتر) و همچنین مقدار کاهش صفت در نسل F_2 در مقایسه با F_1، در جدول۳ ارائه گردیده است. برای صفت میزان مواد جامد محلول هتروزیس (۳۰ درصد) قابل توجهی مشاهده گردید. هتروبلتیوزیس نیز مثبت به‌دست آمد به طوری که نسل F_1 بیش از ۱۹ درصد مواد جامد محلول بیشتری نسبت به بهترین والد (گینسن) داشت، با خودگشنی این نسل و تولید F_2 بخش زیادی از این هتروزیس از دست رفت به طوری که کاهش میزان مواد جامد محلول در F_2 نسبت به F_1 ۱۵/۴ درصد بود. همچنین در صفات عرض میوه(۱۳/۲۷ درصد) نیز هتروزیس مثبت قابل توجهی مشاهده شد. برای بقیه صفات هتروزیس منفی بود.

صفات ظاهری میوه مانند خط‌داربودن و مشبک‌بودن تأثیر زیادی در بازارپسندی میوه دارد. به همین دلیل نحوه توارث این صفات نیز بررسی شد. جدول ۳ نحوه توارث این صفات را نشان می‌دهد. از آنجا که این صفات کیفی بوده و نتایج با شمارش به‌دست آمد بنابراین برای آزمون فرض از روش کای اسکور استفاده شد. همان‌گونه که نتایج این جدول نشان می‌دهد خط‌دار بودن صفتی است که توسط یک ژن غالب کنترل می‌شود. همچنین مشبک‌بودن پوست میوه با اپیستازی غالب مضاعف کنترل می‌شود. هیچ کدام از آماره‌های χ^2 معنی‌دار نبوده و بنابراین فرض غلبه و فرض اپی‌ستازی به ترتیب برای خط‌دار بوده و مشبک‌بودن رد نمی‌شود.

نتایج مربوط به برآورد پارامترها در مدل سه پارامتری به روش وزنی در جدول ۵ ارایه شده است. پارامتر m برای کلیه صفات به غیر از طول میوه و پارامترهای a و d برای کلیه صفات معنی‌دار بود. آماره کای اسکور در آزمون مقیاس مشترک وزنی نیز برای تمام صفات معنی‌دار شد (جدول ۵) که نشان می‌دهد برازش مدل ساده افزایشی- غالبیت قادر به توجیه تمامی اثرهای ژنتیکی صفات بررسی شده نبوده و به‌عبارتی بیانگر عدم کفایت مدل و لزوم افزودن اثر اپیستازی و بررسی مدل شش پارامتری بود. از این‌رو تجزیه به روش شش پارامتری انجام شد (جدول ۶).

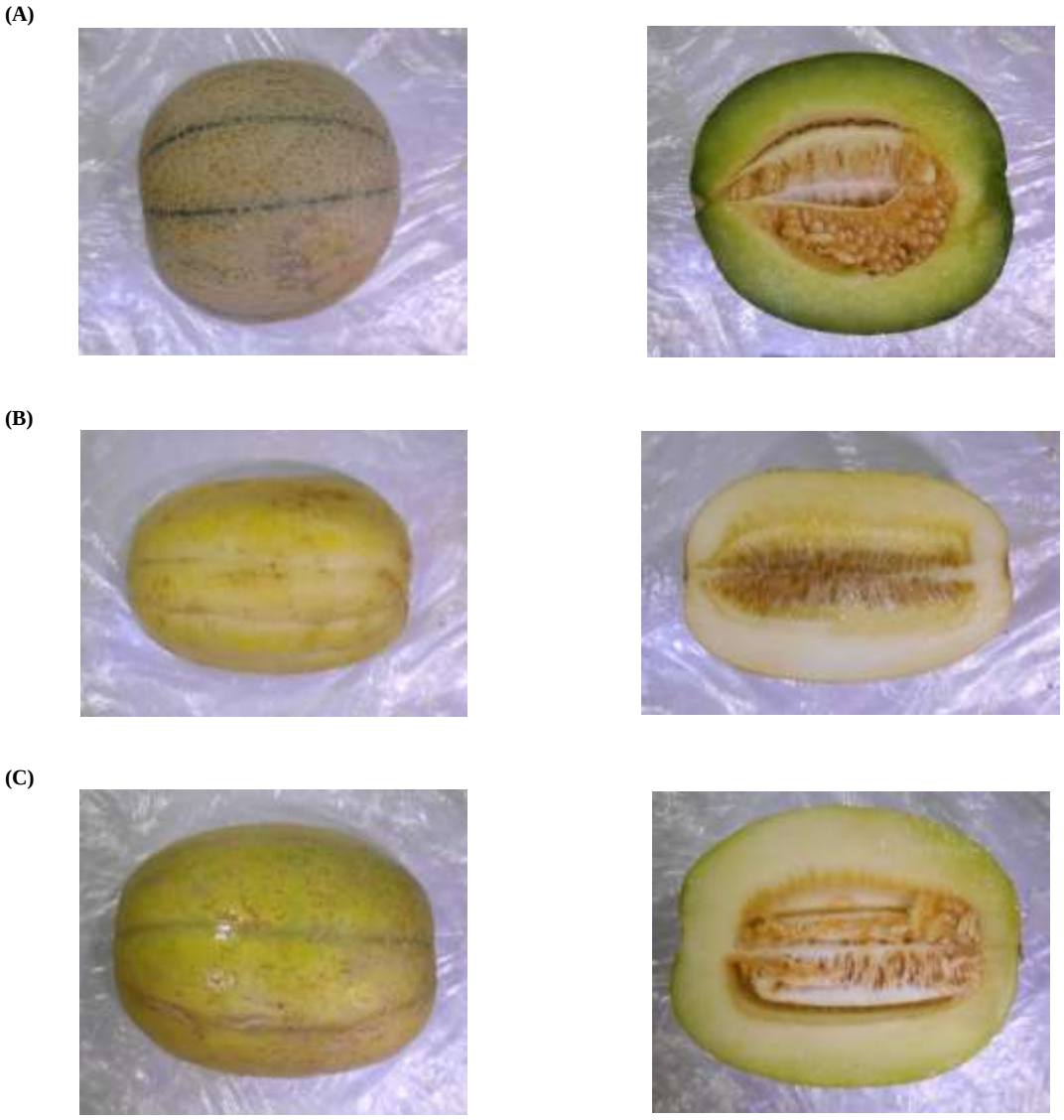
جدول ۱. نتایج تجزیه واریانس ساده صفات اندازه‌گیری‌شده برای شش نسل تلاقی گینسن × سمسوری

Table 1. Results of simple variance analysis for 6 generations of cross Ginsen × Samsoori

Source of variation	d.f.	Mean of Squares									
		Number of fruits per plant	Flesh green color index	Flesh brightness index	Fruit length (mm)	Fruit width (mm)	Fruit shape index	Fruit weight (g)	Flesh thickness (mm)	Seed cavity diameter(mm)	Total soluble solid (brix)
Rep	2	1.07	1.85	0.71	26.48	13.45	0.0001	5811.72	0.02	0.06	0.28
Generation	5	4.60**	417.41**	287.89**	278.61**	438.39**	0.013**	65217.06**	0.28**	2.13**	6.39**
Error	10	0.35	3.9	3.82	49.32	35.22	0.0002	7320.03	0.01	0.17	0.28
CV%	-	16.77	1.29	2.56	5.78	5.78	1.26	17.53	7.42	7.42	4.37

** Significantly difference at 1% probability levels.

** تفاوت معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد.



شکل ۱. شکل میوه و برش عرضی در نسل P1 (نیاگارا) (A)، P2 (گینسن) (B) و نسل F1 (C) در مطالعه بررسی وراثت صفات مهم مرتبط با میوه در طالبی با روش تجزیه میانگین نسل‌ها. تفاوت در شکل میوه و رنگ گوشت کاملا مشخص است.

Figure 1. Fruit shape and cross section in the P1 generation (Niagara) (A), P2 (Ginsen) (B) and F1 generation (C) In the study of heritability of important traits associated with fruit in the cantaloupe base on generation mean analysis. The difference in the shape of the fruit and the color of the fruit is quite clear.

جدول ۲. میانگین و خطای معیار صفات اندازه‌گیری شده در نسل‌های مختلف حاصل از تلاقی گینسن × سمسوری

Table 2. Mean and standard error of evaluated traits for different generation of cross Ginsen × Samsoori

Traits	P_1 (Samsoori)	P_2(Ginsen)	F_1	F_2	BC_1	BC_2
Number of fruits per plant	0.28±2.06^{C}	0.69±5.66^{A}	0.40±3.01^{BC}	0.23±4.05^{B}	0.23±2.89^{BC}	0.27±3.66^{B}
Flesh green color index	1.29±166.78^{A}	0.82±133.88^{E}	1.38±160.17^{B}	1.31±155.51^{C}	1.88±144.32^{D}	1.40±155.76^{C}
Flesh brightness index	1.43±91.01^{A}	1.16±64.66^{D}	0.98±67.93^{D}	1.21±75.13^{C}	1.81±83.81^{B}	1.76±75.96^{C}
Fruit length (mm)	4.15±131.51^{A}	2.7±103.89^{B}	3.28±128.48^{A}	2.4±122.34^{A}	2.68±122.67^{A}	3.26±119.7^{A}
Fruit width (mm)	3.47±112.05^{AB}	2.1±80.08^{C}	2.06±108.18^{AB}	1.81±100.7^{B}	2.5±112.56^{A}	2.55±102.21^{AB}
Fruit shape index	0.02±1.17^{C}	0.01±1.29^{A}	0.01±1.18^{C}	0.01±1.21^{B}	0.008±1.09^{D}	0.01±1.17^{C}
Fruit weight (g)	58±716.95 ^{A}	15.44±235.19 ^{C}	27.51±523.89^{AB}	23.33±453.35 ^{B}	34.46±576.66 ^{AB}	31.16±465.66 ^{B}
Flesh thickness (mm)	0.1±2.29^{A}	0.04±1.37^{D}	0.05±1.87b^{C}	0.04±1.81^{C}	0.05±2.08^{AB}	0.05±1.83^{BC}
Seed cavity diameter(mm)	0.25±6.78^{A}	0.12±4.25^{C}	0.1±5.66^{B}	0.09±5.30^{B}	0.15±6.06^{AB}	0.13±5.46^{B}
Total soluble solid (brix)	0.39±10.23^{C}	0.2±12.24^{B}	0.31±14.6^{A}	0.21±12.35^{B}	0.31±11.19^{C}	0.26±12.22^{D}

وجود حروف مشترک بیانگرعدم تفاوت معنی‌دار بین نسل‌ها می‌باشد.

For each trait the same letters indicate not-significant difference between generations at the p value of 0.01.

جدول ۳. نتایج صفت خط‌دار بودن و مشبک‌بودن پوست میوه طالبی

Table 3. The result of the presence of vein tract and the smooth of the fruit skin in cantaloupe

Generation	Presence of vein tract	Absence of vein tract	χ^2	Ratio	Non-smooth fruit skin	smooth fruit skin	χ^2	Ratio
P_1 (Samsoori)	25	0	-	0:1	25	0	-	0:1
P_2 (Ginsen)	0	28	-	1:0	0	28	-	1:0
F_1	42	0	-	0:1	0	42	-	1:0
F_2	153	63	2^{ns}	1:3	18	198	1.6^{ns}	15:1
BC_1	105	0	-	1:0	25	80	0.099^{ns}	3:1
BC_2	67	54	1.39^{ns}	1:1	0	121	-	0:1

جدول ۴. هتروزیس نسبت به متوسط والدین و والد برتر و پس روی ناشی از خویش آمیزی برای صفات اندازه‌گیری‌شده در تلاقی گینسن× سمسوری

Table 4. Heterosis, heterobeltiosis, segregation dispersion for evaluated traits in cross Ginsen × Samsoori

	Traits									
	Number of fruits per plant	Flesh green color index	Flesh brightness index	Fruit length (mm)	Fruit width (mm)	Fruit shape index	Fruit weight(g)	Total soluble solid (brix)	Flesh thickness (mm)	Seed cavity diameter (mm)
Heterosis	-22.02±0.18	6.54±0.03	3.32±-12.72	0.12±9.15	0.08±13.27	-4.06±0.05	10±92.5	30±0.12	2.18±0.05	2.63±0.07
Heterobeltiosis	-46.81±0.33	0.02±-0.04	0.04±-25.35	0.10±-2.30	0.07±-3.45	0.05±-0.8	-26.92±.24	19.28±0.10	-18.34±0.04	-16.52±0.05
Decrease in F2 average versus F1 average	-34.55±0.24	0.08±2.90	0.15±-10.59	0.26±-5.01	0.24±6.91	0.24±-2.54	13.46±0.33	0.13±15.41	0.31±3.20	6.36±0.14

جدول ۵. برآورد اجزای ژنتیکی در مدل سه پارامتری تجزیه میانگین نسل‌ها در تلاقی گینسن × سمسوری

Table 5. Estimation of Genetic Components in the three Parametric Model of Generation mean analysis in cross Ginsen × Samsoori

Traits	m	[a]	[d]	X^2
Number of fruits per plant	15.72±0.23**	1.92±0.20**	9.350.76**	541.91
Flesh green color index	58.94±0.24**	10.96±0.22**	-21.31±0.41**	594.43
Flesh brightness index	68.80±2.03**	18.18±0.23**	86.2±8.38**	518.23
Fruit length (mm)	118.89±13.04	13.81±2.48**	4.23±2.86**	3.60
Fruit width (mm)	33.34±0.93**	-1.25±0.13**	15.62±0.20**	536.41
Fruit shape index	11.54±0.24**	-0.06±0.03**	-1.54±0.09**	141.53
Fruit weight (g)	645.25±54.4*	421.23±12.38**	1023.14±245.24**	281.60
Flesh thickness (mm)	276.27±0.23**	-92.92±0.23**	167.23±0.41**	2340.57
Seed cavity diameter(mm)	104.85±0.33**	-35.23±0.28**	160.20±0.41**	4703.21
Total soluble solid (brix)	88.17±0.68**	-47.88±0.65**	-8.69±0.75**	3368.93

m = میانگین همه نسل‌ها در یک تلاقی، a = مجموع اثرات افزایشی، d = مجموع اثرات غالبیت، X^2 مقدار کای اسکور.

m= means of all generations in a cross, a= sum of additive effects, d= sum of dominant effects, X^2= Ki square amount.

جدول ۶. برآورد اجزای ژنتیکی در مدل شش پارامتری تجزیه میانگین نسل‌ها در تلاقی گینسن × سمسوری

Table 6. Estimation of Genetic Components in the Six Parametric Model of Generation mean analysis in cross Ginsen × Samsoori

Traits	m	[a]	[d]	[i]	[j]	[l]	X^2
Number of fruits per plant	6.97±0.70**	-1.80±0.20**	-7.68±1.76**	3.10±0.67**	2.06±0.58**	3.73±1.16**	-
Flesh green color index	172.23±4.04**	-16.45±0.42**	-54.80±10.12**	-21.90±4.02**	10.03±2.80**	42.74±6.37**	-
Flesh brightness index	58.80±4.03**	13.18±0.5**	56.2±10.38**	19.04±4**	-10.64±3.04**	-47.06±6.55*	-
Fruit length (mm)	118.89±13.04	13.81±2.48**	4.23±2.86**	-	-	-	3.60
Fruit width (mm)	69.34±5.93**	15.99±1.13**	85.62±15.20**	26.73±5.82**	-11.26±4.65*	-47.78±9.69*	-
Fruit shape index	1.58±0.04**	-0.06±0.01**	-1.05±0.09**	-0.34±0.04**	-	0.66±0.06**	1.53
Fruit weight (g)	182.47±78.4*	218.51±16.97**	742.09±201.24**	271.24±76.54**	-215.03±63.33**	-400.66±128.41**	-
Flesh thickness (mm)	1.24±0.13**	0.46±0.03**	1.65±0.34**	0.60±0.13**	-0.42±0.11**	-1.02±0.22**	-
Seed cavity diameter(mm)	3.69±0.33**	1.27±0.08**	4.5±0.86**	1.83±0.32**	-1.35±0.28**	-2.52±0.55**	-
Total soluble solid (brix)	13.8±0.68**	-1.01±0.13**	-6.60±1.75**	-2.56±0.67**	-	7.4±1.13**	0.007

m = میانگین همه نسل‌ها در یک تلاقی، a = مجموع اثرات افزایشی، d = مجموع اثرات غالبیت، i = مجموع اثرات متقابل افزایشی × افزایشی، j = مجموع اثرات متقابل افزایشی × غالبیت، l = مجموع اثرات متقابل غالبیت × غالبیت، X^2 مقدار کای اسکور.

m= means of all generations in a cross, a= sum of additive effects, d= sum of dominant effects, i= additive × additive, j= additive ×dominant, l= dominant × dominant, X^2= Ki square amount.

در صفات میزان قند، شاخص شکل میوه و طول میوه هر دو جز افزایشی (a) و غالبیت (d) معنی‌دار شده است که بیانگر اهمیت اثر افزایشی و غیر افزایشی ژن‌ها در کنترل ژنتیکی این صفات است. در صفت تردی گوشت اثرات افزایشی نقش بیشتری داشتند.

در کلیه صفات به غیر از طول میوه علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت، اثرات اپیستازی مختلف افزایشی× افزایشی، غالبیت× غالبیت و افزایشی× غالبیت معنی‌دار شده است. در صفات عرض میوه، ضخامت گوشت و قطره حفره بذری اثر متقابل افزایشی× افزایشی نقش مهمی را در کنترل صفات ایفا می‌کند. بنابراین می‌توان پیشنهاد کرد که گزینش در نسل‌های انتهایی صورت گیرد. در مطالعه‌ای که توسط Zalapa *et al.* (2006) با استفاده از تجزیه میانگین نسل‌ها انجام شد، مشاهده گردید که اثرات اپیستازی، نقش مهمی در کنترل صفات تعداد میوه و وزن میوه داشته است. در کل وجود اثرات اپیستازی مختلف و معنی‌دار در صفات ارزیابی شده به غیر از طول میوه نشان‌دهنده ماهیت پلی ژنی و عدم کفایت مدل ساده سه پارامتری برای صفات است.

همان‌طورکه Zalapa *et al.* (2006) در مطالعه‌ای روی صفات مهم طالبی در نسل‌های مختلف مشخص کردند که مدل افزایشی- غالبیت برای اکثر صفات مورد بررسی به‌علت وجود آثار متقابل غیر آللی مناسب نیست. در صفت عرض میوه، ضخامت گوشت، شاخص رنگ سبز گوشت، شاخص شفافیت گوشت و قطر حفره بذری همه اجزای مدل ۶ پارامتری معنی‌دار شدند، که نشان می‌دهد همه اثرات افزایشی، غالبیت و اپیستازی در وراثت این صفات مؤثر هستند.

مثبت یا منفی بودن اثر افزایشی ژن‌ها (a) به این معناست که در کدام والد اثر افزایشی صفت بیشتر یا کمتر است. در این پژوهش والد نیاگارا به‌عنوان P_1 و والد گینسن به‌عنوان P_2 در نظر گرفته شد. بنابراین آلل های افزاینده صفات طول میوه، عرض میوه، ضخامت گوشت و قطر حفره بذری در والد P_1 بیشتر است.

مثبت‌بودن پارامتر اثر غالبیت ژن‌ها (d) نشانگر این نکته است که برآیند آلل‌های افزاینده صفات بر آلل‌های کاهنده غلبه دارند همچنین علامت منفی برای پارامتر d نیز نشان‌دهنده غالبیت نسبی در جهت کاهش اندازه صفت مربوطه در نتاج است (Mather & Jinks, 1982). بنابراین در صفات رنگ سبز گوشت، شاخص شکل میوه، میزان قند و تردی گوشت غالبیت در جهت کاهش اندازه صفات وجود دارد چرا که ارزش فرد F1 به والد دارای ارزش کمتر نزدیک تر است.

با استفاده از واریانس‌های افزایشی و غالبیت اجزای تنوع V_A و V_D برآورد شدند (جدول ۷). طبق مطالعات Robinson & Harvey (1955) برآوردهای منفی در محاسبه وراثت‌پذیری صفر در نظر گرفته شد. جزء غالبیت V_D برای شاخص رنگ سبز گوشت، شاخص شفافیت گوشت، عرض میوه، میزان مواد جامد محلول، ضخامت گوشت و قطره حفره بذری بیشتر از جزء افزایشی V_A بود که نشانگر اهمیت جزء غالبیت است و این نتایج تقریباً مشابه با مقایسه جزء d و a در تجزیه میانگین نسل‌ها است و در بخش‌هایی که نتایج مطابقت ندارد مثل شاخص شکل میوه احتمالاً می‌تواند ناشی از خنثی شدن اثر ژنی مثبت و منفی مسئول غالبیت در بیشتر مکان‌های ژنی باشد.

جدول ۷. برآورد وراثت‌پذیری، درجه غالبیت، واریانس غالبیت و واریانس افزایشی صفات در تلاقی گینسن × سمسوری

Table 7. Heritability, degree of dominant, dominant variance and additive variance for evaluated traits in cross Ginsen × Samsoori

Traits	Broad-sense heritability	Narrow-sense heritability	Degree of dominant	VD	VA
Number of fruits per plant	0.57	0.57	0	0	2.59
Flesh green color index	0.88	0.39	1.59	60.05	47.59
Flesh brightness index	0.90	0	-	155.55	0
Fruit length (mm)	0.71	0.37	1.37	142.38	151.47
Fruit width (mm)	0.73	0.003	21.76	170.57	0.72
Fruit shape index	0.68	0.04	5.98	25234.45	1469.21
Fruit weight (g)	0.78	0.78	0	0	0.01
Flesh thickness (mm)	0.62	0.14	2.67	0.06	0.02
Seed cavity diameter(mm)	0.64	0	-	0.47	0
Total soluble solid (brix)	0.70	0.10	3.53	1.90	0.3

در مطالعه Akrami *et al.* (2012) و Gurav *et al.* (2000) بر بیشتر بودن سهم اثرات افزایشی نسبت به اثرات غالبیت ژن‌ها در کنترل صفت طول میوه تاکید داشتند. در این صفت هتروزیس مثبت نسبت به میانگین والدین و والد برتر مشاهده نشد.

نقش اثرات غالبیت نسبی ژن‌ها را در کنترل صفت عرض میوه در مطالعه Dehghani *et al.* (2009) بیان شد که با نتایج پژوهش ما مطابقت داشت. درحالی‌که نتایج پژوهش Akrami *et al.* (2012) بیانگر نقش بیشتر اثرات افزایشی نسبت به اثرات غیر افزایشی در کنترل این صفت بود و با نتایج پژوهش ما مطابقت نداشت.

در مورد کنترل ژنتیکی صفت محتوای مواد جامد محلول، در بین پژوهشگران اختلاف نظر وجود دارد، بعضی کنترل این صفت را تحت اثرات افزایشی و غیر افزایشی گزارش کرده‌اند (Kalb & Davis, 1984; Gomez-Guillamon *et al.*, 1985; Singh & Randhawa, 1990; Barros *et al.*, 2011). درحالی‌که دیگران تنها اثرات افزایشی را گزارش کرده‌اند (Lippert & Legg, 1972; Zalapa *et al.*, 2006; Paris *et al.*, 2008). در مطالعه Monforte *et al.* (2004) توصیف خوبی از نتایج متناقض برای این صفت ارائه شد آنها کنترل ژنتیکی صفت را تحت اثرات غیر افزایشی عنوان کردند و پیشنهاد کردند که وراثت‌پذیری این صفت برای هر تلاقی خاص مقدار متفاوتی می‌باشد. نتایج پژوهش حاضر منطبق با نتایج Monforte *et al.* (2004) می‌باشد.

اصولاً تخمین اثرهای مختلف ژنی با صادق‌بودن فرضیاتی از قبیل هموزیگوت بودن والدین، عدم وجود آلل‌های چندگانه، عدم وجود پیوستگی ژنی و عدم وجود اثر متقابل محیط و ژنوتیپ قابل دستیابی است که ممکن است همه این فرض‌ها برقرار نباشد (Talei, 2016).

علاوه بر تعیین نحوه توارث صفات مهم در این پژوهش هدف دوم شناسایی و گزینش گیاهانی با صفات مطلوب بود. در این تحقیق برای بسیاری از صفات تفکیک متجاوز دیده شد که نشان‌دهنده تجمع ژن‌های مطلوب (و یا نامطلوب) در یک ژنوتیپ در نسل‌های در حال تفرق بود. جدول ۷ تعدادی از گیاهان گزینش‌شده در نسل‌های در حال تفرق را نشان می‌دهد. معیار انتخاب در نسل F2 صفاتی بود که وراثت‌پذیری بالایی داشتند از جمله این صفات شکل ظاهری میوه و رنگ گوشت میوه بود. سپس از بین گیاهان مطلوب گیاهانی انتخاب شدند که برای صفت شیرینی مطلوب باشند. به این ترتیب بهترین گیاهان انتخاب شدند. همان‌گونه که در جدول ۸ دیده می‌شود در این نسل‌ها گیاهان یافت شدند که میزان قند میوه آنها بسیار بالا بود.

جدول ۸. مشخصات بوته‌های گزینش‌شده طالبی براساس صفات ظاهری میوه از نسل‌های در حال تفرق (F2, BC1, BC2)

Table 8. Characterictic of selected cantaloupe plant based on fruit morphology from segregated generations (BC1, BC2, F2)

Row	Generation	Number of fruits per plant	Fruit length (mm)	Fruit width (mm)	Fruit shape index	Fruit weight (g)	Flesh thickness (mm)	Seed cavity diameter (mm)	Total soluble solid (brix)	Flesh color	Skin color
1	BC1	5	122.43	116.94	1.04	588.84	1.86	6.56	11.9	yellow	yellow
2	BC1	2	147.54	138.88	1.06	922.05	2.2	6.75	14.5	green	yellow
3	BC1	2	165.88	144.62	1.14	1219.9	2.5	8.60	13	green	green
4	BC1	3	163.54	155.49	1.05	1246.76	2.7	8.16	10.66	green	green
5	BC1	1	141.75	115.02	1.23	781.3	2.2	7.50	11.5	green	yellow
6	BC1	2	112.14	98.62	1.13	396.35	1.75	6.50	10	pale green	green
7	BC1	3	106.21	100.66	1.05	561.56	2.16	5.93	14	green	yellow
8	BC1	1	168.64	160.55	1.05	1362.2	2.6	8.70	14	green	green
9	BC1	3	137.13	123.83	1.1	663.26	2.13	7.26	8	green	green
10	BC1	4	133.88	127	1.05	747.55	2.05	6.77	9.37	pale green	green
11	BC1	1	157.06	138.23	1.13	1184.6	3	8.4	11	green	yellow
12	BC2	6	107.04	99.49	1.29	389	1.8	5.18	10.25	green	green
13	BC2	2	123.03	110.78	1.1	578.9	2.4	6	16	green	green
14	BC2	2	148.99	142.64	1.04	1073.25	3.05	6.75	11.5	green	green
15	F2	4	108.73	105.02	1.03	402.5	2.37	4.47	11.25	green	yellow
16	F2	2	174.13	164.07	1.06	1499.75	3.05	8.55	12.5	green	green

شکل ۲. تصویر میوه سالم و برش خورده و همچنین بوته مربوط یکی از گیاهان نسل BC1. مشخصات این میوه با شماره ردیف ۷ در جدول ۸ به طور کامل ارائه شده است. این بوته یکی از گیاهان منتخب در این آزمایش بود که در راستای هدف آزمایش بود. به این ترتیب میزان قند بالا و تعداد میوه مناسب این بوته از نقاط قوت این بوته بود.

Figure 2. The image of a complete and cut fruit, as well as a bush of one of the plants of the BC1 generation. The characteristics of this fruit are in row 7 of Table 8. This plant was one of the selected plants in this experiment with high sugar levels and appropriate fruit numbers.

همچنین شکل ظاهری آنها کاملاً شبیه به والد سمسوری بوده و بنابراین می‌توان از آنها برای تولید لینه‌های مناسب استفاده کرد. شکل z یکی از گیاهان منتخب را در زمین نشان می‌دهد. همان‌گونه که از شکل پیداست شکل میوه کاملا شبیه به والد سمسوری است. ولی میزان قند و تعداد بالای میوه مطلوب بوده و می‌توان برای تولید نسل‌های آینده از این گیاهان استفاده کرد.

نتیجه گیری کلی

در این مطالعه مقدار بالای اثرات افزایشی در صفات طول میوه و تردی گوشت نشان داد که روش‌های مبتنی بر گزینش برای اصلاح این صفات مناسب هستند. مقدار بالای اثرات غالبیت در صفات شاخص رنگ سبز گوشت، شاخص شفافیت گوشت، عرض میوه، شاخص شکل میوه، میزان قند، ضخامت گوشت و قطر حفره بذری نیز نشان داد روش‌های تولید هیبرید برای اصلاح این صفات مناسب هستند و گزینش نیز باید تا نسل‌های پایانی به تاخیر بیفتد.

سپاسگزاری

از صندوق حمایت از پژوهشگران و فناوران کشور قدررانی می‌شود. بخشی از هزینه‌های این تحقیق توسط صندوق حمایت از پژوهشگران و فن آوران کشور با شماره تفاهم نامه ۳۶۶۹۹۸/ص/۹۳ تأمین شد. همچنین از آقای دکتر فدوی عضو هیأت علمی پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران به‌دلیل در اختیارگذاشتن دستگاه عکس‌برداری از میوه‌ها، تشکر و قدردانی می‌گردد.

REFERENCES

1. Akrami, M., Dehghani, H., Jalali Jooran, M. & Mohamadi, R. (2012). Estimation of general combing ability of yield and its components using dialell method in Iranian cantaloupe cultivars. *Iranian Journal of Horticulture Science*, 3, 257-286. (in Farsi)
2. Barros, A. K. D. A., Nunes, G. H. D. S., Queiróz, M. A. D., Pereira, E. W. L. & Costa Filho, J. H. D. (2011). Diallel analysis of yield and quality traits of melon fruits. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, *11*(4), 313-319.
3. Dehghani, H., Feyzian, E., Rezai, A. M. & Jalali, M. (2009). Correlation and sequential path model for some yield-related traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Journal of Agriculture Science and Technology*, 11(3), 341-353.
4. Etebarian, H. (2002). *Vegetable disease and and methods of combating them*. (2nd ed.). University of Tehran. (in Farsi)
5. Feyzian, S. E., Dehghani, H., Rezai, A. M. & Jalali Javaran, M. (2009). Genetic Analysis for Yield and Related Traits in Melon (*Cucmis melo* L.) throught Dialell Method. *Iranian journal of Horticulture Science*, 40(1), 95-106. (in Farsi)
6. Fonseca, S. & Patterson, F.L. (1968). Hybrid vigor in a seven -parent diallel cross in common winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Crop Science*, 8, 85-88.

7. Gomez-Guillamon, M. L., Cuartero, J., Abadia, J. & Nuez, F. (1985). Herencia de caracteres cualitativos en melón. *Anales del INIA*. Serie agricola (España). 28(2), 75-82.
8. Gurav, S. B., Wavhal, K. N. & Navale, P. A. (2000). Heterosis and combining ability in muskmelon *Cucumis melo* L. *Journal of Maharashtra Agricultural Universities*, 25(2), 149-152.
9. Hayman, B. I. (1958). The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. *Heredity*, 12, 371-390.
10. Kalb, T. J. & Davis, D. W. (1984). Evaluation of combining ability, heterosis, and genetic variance for fruit quality characteristics in bush muskmelon. *Journal-American Society for Horticultural Science (USA).*
11. Kearsey, M. J. & Pooni, H. S. (1998). *The genetical analysis of quantitative traits*, Stanley Thornes (Publishers) Ltd.
12. Kerje, T. & Grum, M. (2000). The origin of melon, *Cucumis melo*: a review of the literature. VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding 510.
13. Lippert, F. L. & Legg, P. D. (1972). Appearance and quality characters in muskmelon fruit evaluated by a ten-cultivar diallel cross. *Journal-American Society for Horticultural Science*, 97, 84-87.
14. Mather, K. & Jinks , J. L. (1982). *Biometrical Genetics*. Springer.
15. Monforte, A. J., Oliver,M., Gonzalo, M. J., Alvarez, J. M. & Dolcet-Sanjuan, A. (2004). "Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 108(4), 750-758.
16. Monforte, A. J., Diaz, A., Caño-Delgado, A. & Van Der Knaap, E. (2014). The genetic basis of fruit morphology in horticultural crops: Lessons from tomato and melon. *Journal of Experimental Botany*, 65(16), 4625-4637.
17. Mansoori, A., Fadavi, A. & Mortazavian, M. M. (2014). *Determine the physical properties of callus by machine and validate the results.* M.Sc. thesis. Faculty of Agriculture Tehran University, Iran.
18. Moradi Ashour, B., Arzani, A., Rezaei, A. & Mirmohammady Maibody, S.A.M. (2006). Study of inheritance of yield and related traits in five crosses of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal Science Technology Agriculture Natural Resources*, 9(4), 123-136 (in Farsi).
19. Paris, M. K., Zalapa J. E., McCreight, J. D. & Staub, J. E. (2008). Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic× elite US Western Shipping germplasm. *Molecular Breeding*, 22(3), 405-419.
20. Perpiñá, G., Esteras, C., Gibon, Y., Monforte, A. J. & Picó, B. (2016). A new genomic library of melon introgression lines in a cantaloupe genetic background for dissecting desirable agronomical traits." *BMC Plant Biology*, 16(1), 154.
21. Pitrat, M. (2008). *Melon*. In: Prohens, J. and Nuez, F., Eds., Vegetables I: Asteraceae, Brassicaceae, Chenopodicaceae, and Cucurbitaceae. Springer Science+Business Media, LLC, New York, 283-315.
22. Pouyesh, A., Lotfi, M., Ramshini, H., Karami, E., Shamsitabar, A. & Armiyoun, E. (2017). Genetic analysis of yield and fruit traits in cantaloupe cultivars. *Plant Breeding*, 136, 569-577.
23. Robinson, H. F., Comstock, R. E. & Harvey, P. H. (1955). Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics*, *40*(1), 45.
24. Roy, D. (2000). Plant Breeding: Analysis and exploitation of variation. Narosa Publication, New Delhi. P. 701.
25. Singh, M. J. & Randhawa, K. S. (1990). Assessment of heterosis and combining ability for quality traits in muskmelon. *Indian Journal of Horticulture*, 47(2), 228-232.
26. Talei, A. R. (2016). *An Introduction to the Biometric Genetics*. (1st ed.). University of Tehran. (in Farsi)
27. Zalapa, J. E., Staub, J. E. & McCreight, J. D. (2006). Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. *Plant Breeding* 125(5), 482-487.
28. Zare, M., Chogan, R., Majidi-Heravan, E. & Behamta, M. R. (2008). Generation mean analysis for grain yield and its associated traits in maize. *Seed and Plant*, 24(1), 63-81. (in Farsi)