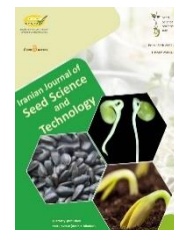




Iranian Journal of Seed Science and Technology



ISSN: 2588-4638

Research Article

Identification of top-notch commercial cultivars and core traits of melon (*Cucumis melo* L.) based on distinctness, uniformity, and stability (DUS) examination

Saeed Amini^{1*}, Zahra Tahernezhad², Shokoufeh Ghayoom-Asghari³,
Mohammad Reza Jazayeri Noushabadi¹, Leila Zare², Akram Toulou-Tokmehdash³

1. Research Assistant Professor, Seed and Plant Certification and Registration Institute (SPCRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
2. Researcher, Seed and Plant Certification and Registration Research Institute (SPCRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
3. Expert, Seed and Plant Certification and Registration Research Institute (SPCRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

Article Information

Received: 15 Sept. 2024
Revised: 24 Jan. 2025
Accepted: 29 Jan. 2025

Keywords:

Melon,
Morphological DUS test,
Core DUS characters,
Correlation,
M-TOPSIS
Principal component analysis
(PCA).

Corresponding Author:
s.amini@areeo.ac.ir



Abstract

Melon (*Cucumis melo* L.) is a popular crop from the *Cucumis* genus that could be used as a fruit. Variety identification via distinctness, uniformity, and stability (DUS) testing plays an essential role in preserving the intellectual property of new varieties. This investigation was conducted in the 2022 and 2023 growing seasons and, evaluates the 67 phenotypic characters of thirty-one melon hybrid varieties using quantitative trait measurement and qualitative trait visual inspection. The study found considerable character diversity, with Shannon-Wiener (H') and Simpson diversity indices ranging from 0 to 3.71 and 0 to 0.990, respectively. The results of principal component analysis (PCA) effectively distinguished all varieties. Twenty core characters, including fifteen fruit characters, have been selected based on the PCA score to improve field identification efficiency. The most significant characteristic was the fruit cork formation, which explained 13.11% of the phenotypic variance. Interestingly, the scatter plot based on phenotypic DUS data revealed four categories: Galia, Talebi, American eastern, American western and Ananas types. Marko, JANNA, and Omid were the top three varieties evaluated using the M-TOPSIS approach based on ten measured characters. These findings developed the different evaluation and statistical methods of phenotypic traits that could be beneficial in future valuable DUS investigations.

How to cite this paper: Amini, S., Tahernezhad, Z., Ghayoom-Asghari, SH., Jazayeri Noushabadi, M.R., Zare, L., Toulou-Tokmehdash, A. (xxxx). Identification of top-notch commercial cultivars and core traits of melon (*Cucumis melo* L.) based on distinctness, uniformity, and stability (DUS) examination. *Iranian Journal of Seed Science and Technology*, xx (x), xx-xx. <https://doi.org/10.22092/ijst.2025.366978.1541>



© Authors, Published by Iranian Journal of Seed Science and Technology. This is an open-access article distributed under the CC BY (license <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

EXTENDED ABSTRACT

Introduction

Melon (*Cucumis melo* L., $2n = 24$) is a popular crop from the *Cucumis* genus that could be used as a fruit or vegetable and in medicine and aromatherapy. The *Cucurbitaceae* family of horticultural fruits is divided into two subspecies (*subsp. agrestis* (Naud.) and *subsp. Melo*), which is distinguished by its vegetative morphology, fruit diversity, and the arrangement of hairs in the ovary and young fruit. As an important vegetable, the global production of melon is about 28.558 million metric tonnes from an area of 1.062 million hectares. Although Iran stands 7th amongst the leading producers of melon in the world after China, Turkey, India, Kazakhstan, Afghanistan, and Guatemala, it produces about 1.298 million tonnes from 0.56 million hectares with a productivity of 23.118 tonnes per hectares. It is estimated that hundreds of melon cultivars are submitted every year for Plant Breeder Right (PBR) registration or applications. In this regard, variety identification is critical for commercialization, preserving varieties' intellectual property and stimulating breeding creativity. One of the main techniques employed for identifying cultivars in the field is morphological evaluation, which includes the tests for distinctness, uniformity, and stability (DUS). As well as, the DUS examination, which assesses morphological characteristics during growth and development phases, is costly, tedious, laborious, and vulnerable to unusual external environmental variables.

Materials and Methods

This research was carried out in the 2022 and 2023 growing seasons. Experiments were carried out in the research site of the Seed and Plant Certification and Registration Institute (SPCRI), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran in randomized block design with two replications in the spring and summer (May/July). This study provides a thorough evaluation of the DUS morphological traits of thirty-one hybrid melon (*Cucumis melo* L.) hybrid cultivars via measurable and visual traits investigation to identification and registration of biological diversity. A total of sixty-seven characteristics through a modified UPOV (The International Union for the Protection of New Varieties of Plants) descriptive term list (TG/104/5-2019) of various organs such as seedling, plant, stem, leaf, petiole, fruit and seed traits, were investigated based on the quantization of physical by ruler and digital vernier caliper, as well as, inspection of visual qualitative traits. DUS test was used to screen, organize, and safeguard the commercial cultivars with distinct superior characteristics. The Spearman rank Correlation analysis was performed to determine the correlations between various DUS (all and core) traits. Principal component analysis (PCA) was applied on 67 test traits to determine their primary traits. By plotting PC1 and PC2, based on total DUS, core and remained characteristics of all commercial cultivars could be clearly distinguished. A specific TOPSIS (Technique for Order Preference by

Similarity to Ideal Solution) algorithm (known as Mahalanubis TOPSIS) was designed to establish a comprehensive multi-criteria decision-making model. Using this model, the breeding potential of thirty-one hybrid melon cultivars was assessed and ranked.

Results and Discussion

The outcomes showed significant differences in terms of ranges, means, Shannon-Wiener (H') and Simpson (D) diversity indices, and coefficients of variation for each characteristic. According upon the DUS fingerprints of the investigated melon varieties, the DUS trait dataset of P23 (Change of skin color from young fruit to maturity), P27 (Position of maximum diameter of fruit), P38 (Warts of fruit), and P66 (Time of female flowering) was detected with no variance across all melon candidate varieties. A pair-wise examination of the Spearman rank correlation coefficients of the remaining 63 DUS testing traits revealed certain qualities were rather independent, whereas others grouped due to a considerably tight positive or negative significant correlation with an average of five other DUS traits. The highest positive correlation was observed between the size of fruit patches (P37) and density of fruit patches (P36), ($r = 1$), and the greatest negative correlation was observed between the main color of fruit flesh (P54) and secondary salmon coloring of flesh (P56) ($r = -0.92$). The results of this research suggested that phenotypic traits were strongly associated, and a high correlation may have a detrimental influence on variety phenotypic categorizations. The circus approach has been applied to display and understand the relationships between 20 core DUS traits for investigated melon varieties. Fruit traits have a significant correlation with over ten other DUS features, demonstrating their importance in melon varieties' overall DUS fingerprint. The fruit characteristics P31 (Fruit: hue of ground color of skin) and P54 (Fruit: main color of flesh) had significant correlations with 14 and 13 other traits, respectively. As well as, P5 (Leaf blade: intensity of green color), P18 (Young fruit: conspicuousness of groove coloring) and P20 (Young fruit: length of peduncle) were significantly correlated with 12 other traits, respectively. The correlation finding indicated that fruit traits closely matched to the DUS fingerprint for identifying melon cultivars. Furthermore, the nine characteristics including development of lobes of leaf blade (P6), petiole attitude (P10), length of petiole (P11), hue of green color of skin of young fruit (P13), extension of darker area around peduncle of young fruit (P22), density of dots of fruit (P32), shape of seed (P62), time of male flowering (P65), time of ripening (P67) showed no correlation with other traits, indicating that they had minimal impact on the formation and development of other traits. The twenty core DUS traits correlation coefficient was significantly correlated with eight other DUS traits, resulting in 40% of all data values. However, only 16.38% of the 67 DUS traits studied had a similar correlation coefficient.

Twenty core traits, including fifteen fruit traits, have been

selected to improve field identification efficiency and accuracy. This Analysis indicates that fruit traits play a major role in identifying cultivars. The most significant characteristic was the fruit cork formation, which explained 13.11% of the phenotypic variance. Interestingly, the scatter plots using phenotypic DUS data revealed four categories, including Galia, Talebi, American eastern/ western and Ananas types, respectively. The study found considerable trait variances, with Shannon-Wiener (H') and Simpson diversity indices ranging from 0 to 3.71 and 0 to 0.990, respectively. The coefficient of variation (C.V., %) ranged from 0 to 95.93%, with an average of 33.1%. High genetic diversity was also detected among the studied cultivars. The results of principal component analysis

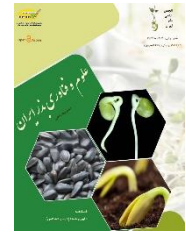
(PCA) effectively distinguished all varieties. Marko, JANNA, Omid, Ananas Inx 1008, AZ89, Shadan, Dadley, Javid, Teresa, and Sefidak were the top ten cultivars evaluated using the M-TOPSIS approach based on ten measured traits, respectively.

Conclusions

This investigation improved the cultivar evaluation systems and statistical phenotypic traits for DUS testing. These findings suggested that these methods could benefit future investigations, particularly for large-scale analyses of plenty of cultivars. These findings provided important reference for melon breeding in future.



نشریه علوم و فناوری بذر ایران



ISSN: 2588-4638

مقاله پژوهشی

شناسایی ارقام برتر تجاری و صفات اصلی خربزه (*Cucumis melo* L.) بر اساس آزمون تمایز، یکنواختی و پایداری (DUS)

سعید امینی^{۱*}، زهرا طاهرنژاد^۲، شکوفه قیوم اصغری^۳، محمدرضا جزائری نوش آبادی^۱،
لیلا زارع^۲، اکرم طلوع تکمه‌داش^۳

۱. اعضای هیئت علمی و استادیاران معاونت شناسایی و ثبت ارقام گیاهی، مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
۲. پژوهشگران مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
۳. کارشناسان مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

چکیده

اطلاعات مقاله

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۶/۲۵

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۳/۱۱/۰۵

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۱/۱۰

واژه‌های کلیدی:

خربزه،

آزمون تیپ صفات ریخت‌شناختی،

همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن،

تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی

M-TOPSIS.

نویسنده مسئول:

s.amini@areeo.ac.ir

خربزه (*Cucumis melo* L.) گیاهی از جنس *Cucurbitaceae* است که از میوه آن استفاده می‌شود. شناسایی ارقام از طریق آزمون تمایز، یکنواختی و پایداری (تیپ، DUS) نقش کلیدی در تجاری‌سازی و حفظ مالکیت فکری ارقام جدید دارد. این پژوهش در فصل رشد سال‌های ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ انجام شد و صفات فنوتیپی دستورالعمل اتحادیه بین‌المللی حمایت از ارقام جدید گیاهی در ۳۱ رقم خربزه ارزیابی شد. تنوع قابل توجهی در این صفات مشاهده شد، به‌طوری‌که شاخص‌های تنوع شانون-وینر (H') و سیمپسون (D) به‌ترتیب از صفر تا ۳/۷۱ و ۰/۹۹۰ متغیر بود. نتایج تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA)، ارقام را به‌طور موثری متمایز کرد. بیست صفت اصلی، از جمله پانزده صفت در میوه، بر اساس شاخص امتیاز PCA برای بهبود کارایی ارزیابی و شناسایی مزرعه‌ای انتخاب شد، به‌طوری‌که مهم‌ترین صفت، تشکیل چوب‌پنبه در میوه بود که ۱۳/۱۱٪ از واریانس فنوتیپی را توجیه کرد. نمودار پراکندگی بر اساس دو مولفه اول داده‌های فنوتیپی، چهار گروه متمایز شامل تایپ‌های گالیا، آناناسی، American Eastern/Western و طالبی تشکیل داد. مارکو، جانا و امید سه رقم برتر بر اساس تحلیل رتبه M-TOPSIS ده صفت قابل اندازه‌گیری با ابزارهای مدرج هستند. یافته‌های این پژوهش با بهبود روش‌های مختلف ارزیابی و گسترش تجزیه و تحلیل آماری صفات فنوتیپی می‌تواند در پژوهش‌های آینده DUS مفید باشند.

نحوه استناد به این مقاله:

Amini, S., Tahernezhad, Z., Ghayoom-Asghari, SH., Jazayeri Noushabadi, M.R., Zare, L., Toulou-Tokmehdash, A. (xxxx). Identification of top-notch commercial cultivars and core traits of melon (*Cucumis melo* L.) based on distinctness, uniformity, and stability (DUS) examination. *Iranian Journal of Seed Science and Technology*, xx (x), xx-xx. <https://doi.org/10.22092/ijssst.2025.366978.1541>

مقدمه

نشانگرهای ریخت‌شناختی برای شناسایی و ثبت ارقام در سطح بین‌المللی به کار می‌روند (Mahapatra et al., 2022). معمولاً صفات کلیدی مختلفی مانند صفات میوه، برگ، گل و بذری برای شناسایی ارقام استفاده می‌شوند (Choudhary et al., 2015; Mallikarjuna et al., 2024; Srinivasan et al., 2023).

معادل فارسی اصطلاح DUS^1 ، واژه تیپ است که از سر واژگان، کلمات تمایز، یکنواختی و پایداری ایجاد می‌شود (Mobasser, Not published). آزمون‌های تیپ بر اساس دستورالعمل اتحادیه بین‌المللی حفاظت از ارقام جدید گیاهی ($UPOV^2$) به‌طور گسترده در شناسایی و تجاری‌سازی ارقام استفاده می‌شوند. این آزمون‌ها پس از کاشت ارقام در مزرعه با روش‌ها و استانداردهای مناسب، مجموعه‌ای از صفات را برای تمایز، یکنواختی و پایداری ارقام ارزیابی می‌کند (Abd El- Wahab et al., 2023; Arens et al., 2010; Hong et al., 2021; Mallikarjuna et al., 2024). به رقم کاندید سبزی و صیفی که در مقایسه با ارقام موجود، متمایز، یکنواخت و پایدار باشد، حق حمایت از به‌نژادگر (PBR^3) داده می‌شود (Liu et al., 2022; Mallikarjuna et al., 2024).

موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال ($SPCRI^4$)، با آدرس <https://www.spcrri.ir> در سال ۱۳۸۴ در کشور ایران تاسیس شده و بر اساس دستورالعمل‌های آزمون تیپ تهیه شده توسط اتحادیه بین‌المللی $UPOV$ ، ارزیابی و ثبت ارقام مختلف گیاهی از جمله ارقام سبزی و صیفی و گیاهان زراعی را انجام می‌دهد. تلاش‌های انجام شده در به‌نژادی سنتی به تهیه ارقام مختلف سبزی و صیفی که پیوستگی خانوادگی (شجره‌ای) نزدیک و منشاء ژنتیکی محدودی دارند، منجر شده است. در این راستا این موسسه از سال ۲۰۱۷ تا ۲۰۲۴، تعداد بیش از ۱۵۰۰ رقم دورگ^۵ جدید سبزی و صیفی با روابط ژنتیکی نزدیک و منابع ژنتیکی محدود (Kong et al., 2014) را دریافت کرده که به‌دلیل تشابه

صفات ریخت‌شناختی انجام ارزیابی‌های آزمون تیپ ارقام را برای کارشناسان ارزیاب دشوار کرده است. با توجه به تشابه صفات ریخت‌شناختی این ارقام دورگ و همچنین برای حمایت از حقوق مالکیت معنوی و تشویق نوآوری به‌نژادگران، باید سامانه‌ها و فرایندهای ثبت ارقام گیاهی به‌روز رسانی شود تا کارایی شناسایی ارقام گیاهی بهبود یافته و همچنین بهره‌برداری از ارقام از سوی تجار و همچنین سایر تولیدکنندگان این بازار محدود شود.

الگوریتم^۶ TOPSIS به‌عنوان یک ابزار تصمیم‌گیری چند معیاره برای ارزیابی شایستگی مجموعه‌ای از راه‌حل‌های جایگزین بکار می‌رود (Abootalebi et al., 2022). این الگوریتم مدل‌سازی راه‌حل بهینه را بر اساس نزدیکی نسبی راه‌حل‌های جایگزین به راه‌حل‌های ایده‌آل و منفی تعیین می‌کند. با استفاده از الگوریتم TOPSIS می‌توان راه‌حل‌های جایگزین مختلف را به سرعت و با دقت ارزیابی کرد. بر این اساس، این الگوریتم به‌طور گسترده در حوزه‌های مختلف تصمیم‌گیری بکار گرفته می‌شود (Bagherzadeh & Gholizadeh, 2016; Lamrini et al., 2023).

تیره *Cucurbitaceae* جزو مهمترین منابع غذایی و اقتصادی هستند (Shigita et al., 2023; Wang & Yao, 2008). خربزه (*Cucumis melo* L.) از جمله گیاهان خانواده *Cucurbitaceae* است که مرکز تنوع آن آسیا به‌ویژه ایران، افغانستان، ترکیه، هند و چین است. قدمت کشت آن در ایران به ۳۰۰۰ سال پیش می‌رسد (Grumet et al., 2017). جنس *Cucumis* شامل ۳۲ گونه می‌باشد که سیزده گونه آن (از جمله خربزه *Cucumis melo* L., $2n = 24$) پایه کروموزومی $n=12$ دارند (Kerje & Grum, 2000). این گونه به دو زیرگونه *agrestis* (Naud.) و *melo* که مورفولوژی رویشی، آرایش موی^۷ متفاوت تخمدان و میوه جوان متمایز دارند دسته‌بندی می‌شود (Whitaker & Davis, 1962). خربزه‌ها بر اساس یافته‌های Pitrat (2016) به گروه‌های مختلف *Cantalupensis*، *Inodorus* و *Reticulatus* طبقه‌بندی می‌شوند،

1- Distinctness, Uniformity and Stability

2- International Union for the Protection of New Varieties of Plants

3- Plant Breeder Rights

4- Seed and Plant Certification and Registration Institute

5- Hybrid

6- Technique for Order Preference by Similarity to Ideal Solution

7- Hair

به طوری که این گروه‌ها مهمترین ارقام بازار در کشورهای آمریکایی، آسیایی و مدیترانه‌ای هستند (McCreight, 1993). خربزه گیاهی یکساله و تک‌پایه است. البته گاهی گل‌های کامل هم در آن ایجاد می‌شود. گل‌ها دگرگشن بوده و گل‌های نر زودتر ظاهر می‌شوند. رشد این گیاه نیازمند تابستان‌های گرم و خشک است. دوره رویش این گیاه بین ۸۰ تا ۱۰۰ روز متفاوت است و طول فصل رشد برای پرورش آن باید طولانی باشد. حد نصاب درجه حرارت مناسب برای این گیاه از ۱۸ تا ۲۴ درجه سانتی‌گراد است. خاک عمیق و منفذ دار برای رشد خربزه مناسب است. اگر چه خربزه در طیف وسیعی از انواع خاک‌ها کشت می‌شود ولی تنها در خاک‌های حاصلخیز که دارای مواد غذایی آلی و معدنی کافی هستند، بهترین عملکرد را دارد. مناسب‌ترین pH برای کاشت خربزه بین شش تا هفت است. در خاک‌های اسیدی رشد خربزه کاهش یافته و برگ‌ها به رنگ زرد مایل به سبز در می‌آیند (Divsalar et al., 2011).

تولید جهانی خربزه حدود ۲۸.۵۵۸ میلیون تن در سطحی حدود ۱.۰۶۲ میلیون هکتار است (FAOSTAT, 2022). ایران پس از کشورهای چین، ترکیه، هند، قزاقستان، افغانستان و گواتمالا که تولیدکنندگان پیشرو خربزه در جهان هستند در رتبه هفتم تولید این محصول قرار دارد (FAOSTAT, 2022) و حدود ۱.۲۹۸ میلیون تن از این محصول را از سطح زیر کشت حدود ۰/۵۶ میلیون هکتار با بهره‌وری ۲۳.۱۱۸ تن در هکتار تولید می‌کند (FAOSTAT, 2022). از این روی، هر ساله درخواست ثبت صدها رقم خربزه برای کسب حمایت از حق به‌نژادگر ارائه می‌شود.

(Sobhany & Kiani, 2016) بر اساس صفات ریخت‌شناختی هفده توده خربزه استان‌های خراسان را با تجزیه خوشه‌ای به چهار گروه تقسیم کردند به طوری که توده‌های مشهد، چاه‌پالیز و جباری نزدیکی ژنتیکی بسیار زیادی با یکدیگر داشتند. (Yusuf et al., 2022) جهت ثبت یک رقم خربزه آزمون تیپ را با استفاده از صفات ریخت‌شناختی و نشانگر مولکولی ISSR بطور موفقیت‌آمیز انجام دادند. (Rizvi et al., 2022) آزمون تیپ هفده توده بومی خربزه هندی را بر اساس صفات ریخت‌شناختی انجام دادند. همچنین آزمون تیپ بر روی بیست رقم خربزه بر اساس ۳۴

صفت ریخت‌شناختی انجام شد و شش صفت به‌عنوان صفات گروه‌بندی‌کننده جهت تمایز ارقام پیشنهاد شد (Choudhary et al., 2015). تنوع ژنتیکی ۵۹ توده خربزه بومی با استفاده از صفات ریخت‌شناختی و نشانگرهای مولکولی RAPD و SNP بررسی شد و تنوع زیادی مابین توده‌ها بر اساس صفات ریخت‌شناختی مشاهده شد (Phuong Nhi et al., 2010). تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت ۲۴ توده خربزه تونس با استفاده از ۲۴ صفت فنوتیپی و هشت نشانگر مولکولی SSR ارزیابی شده و تنوع فنوتیپی قابل توجهی در بین توده‌ها در بسیاری از صفات از جمله صفات مرتبط با عملکرد مشاهده شد. خوشه‌بندی فنوتیپی توده‌ها را به دو خوشه اصلی خربزه شیرین و غیر شیرین تقسیم کرد. با این حال، با ترکیب داده‌های فنوتیپی-مولکولی خوشه‌بندی دقیق‌تری در میان زیرگروه‌های *Cantalupensis* *Indorus* و *Reticulatus* بدست آمد. (Chikh-Rouhou et al., 2021) تنوع ژنتیکی ۶۲ توده خربزه کامبوج با تجزیه و تحلیل صفات ریخت‌شناختی و ۱۲ نشانگر RAPD و هفت نشانگر SSR نیز ارزیابی شده و ۵۶ توده از نظر ریخت‌شناختی در گروه تیپ بذر کوچک (با طول بذر کمتر از نه میلی‌متر) قرار گرفت، بر این اساس درخت فیلوژنتیکی ساخته شده با ماتریس فاصله ژنتیکی، توده‌ها را به سه گروه اصلی گروه‌بندی کرد (Naznin et al., 2023). با ارزیابی و ترسیم درخت فیلوژنتیکی صفات میوه، اندازه بذر و نشانگرهای SSR و RAPD جایگاه‌های ژنوم کلروپلاستی، ۸۷ توده خربزه جنوب قزاقستان برای بررسی نمو، تنوع، انتخاب و حفاظت در مزرعه گروه‌بندی شدند (Kato et al., 2022). (Merheb et al., 2020) تنوع ژنتیکی توده‌های بومی Snake melon مناطق مختلف لبنان را در سطح مورفولوژی و مولکولی ارزیابی کردند، به طوری که ۱۸ صفت مورفولوژیک توصیف‌گر، تنوع فنوتیپی توده‌ها را نشان دادند. نتایج تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی در این پژوهش نشان داد که صفات موی میوه و استحکام آن، اندازه میوه و الگوی رنگ پوست، معیارهای مناسبی برای تشخیص تمایز بین توده‌های بومی هستند. تجزیه خوشه‌ای بر اساس نشانگرهای مولکولی، تنوع ژنتیکی بالایی نشان داد و با تقسیم توده‌ها به پنج گروه ژنتیکی مجزا، تنوع ریخت‌شناختی را تأیید کرد. (Ansari et al., 2020) تنوع ژنتیکی ۴۸ توده musk melon را در شرایط نرمال و تنش

برای بهبود ژنتیکی صفات این گیاه بکار رفته و دیدگاه‌های جدیدی را در به‌نژادی ارقام جدید این گیاه فراهم می‌کند.

مواد و روش‌ها

مواد آزمایشی

بذرهای ۳۱ رقم خربزه از شرکت‌ها و موسسات مختلف در ایران و سراسر جهان از طریق شرکت‌های واردکننده بذر برای انجام آزمون تیپ دریافت شد (جدول ضمیمه ۱، شکل ۱). نام ارقام تجاری، شرکت‌ها و کشورهای تولیدکننده هر رقم و شرکت واردکننده یا موسسه تولیدکننده رقم در داخل کشور در جدول ضمیمه ۱ آورده شده است. همچنین پراکندگی فراوانی کشورهای تولیدکننده ارقام این پژوهش در شکل ۱ به‌صورت دایره‌ای نمایش داده شده است. این بذرها برای اطمینان از جوانه‌زنی و استقرار یکنواخت گیاهچه در سینی‌های پلاستیکی در محیط متشکل از کوکپیت در گلخانه کشت شد. سپس گیاهچه‌ها به مزرعه آزمایشی موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال در کرج (35° 48' 29.5" N, 50° 58' 18" E) و با ۱۳۵۰ متر ارتفاع از سطح دریا منتقل شد. آزمایش‌های مزرعه‌ای در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی (RCBD^۶) با دو تکرار در بهار و تابستان (اردیبهشت تا مرداد) سال‌های ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ اجرا شد. عملیات تهیه زمین جهت کاشت شامل شخم، دیسک، تسطیح و ایجاد ردیف‌های کاشت بود. هر رقم در کرتی به ابعاد ده متر در سه متر به فواصل خطوط سه متر و فاصله روی خطوط ۷۵ سانتی‌متر کشت شد. خاک مزرعه موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال بافت لومی دارد. ترکیب شیمیایی خاک موسسه با ۷/۸ pH (H₂O)، حاوی ۱/۰۵٪ مواد آلی، ۱۱٪ نیتروژن، ۱۱ میلی‌گرم بر کیلوگرم فسفر و ۲۸۳/۲ میلی‌گرم در کیلوگرم پتاسیم است. جدول ضمیمه ۲ و شکل ۲ داده‌های بارش سالیانه و میانگین دما را بر اساس داده‌های پایگاه اطلاعاتی سازمان هواشناسی کشور به آدرس <https://www.irimo.ir/far/index.php> در سال ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲ ارائه می‌دهد.

خشکی با استفاده از صفات ریخت‌شناختی و نشانگرهای SSR ارزیابی کردند. بر اساس صفات ریخت‌شناختی، ژنوتیپ‌ها به‌ترتیب به سه و پنج گروه در شرایط آبیاری مناسب و تنش خشکی تقسیم شدند. تفاوت‌های ژنتیکی مشاهده شده در شرایط نرمال و تنش خشکی بیانگر تنوع ژنتیکی توده‌ها است. (Bagherzadeh & Gholizadeh, 2016) از روش TOPSIS برای بررسی تناسب کیفی روش‌های مختلف آبیاری گندم در چارچوب سازمان خواربار و کشاورزی (FAO^۱) استفاده کردند. (Nayak & Datta, 2025) از روش TOPSIS برای انتخاب مناسب‌ترین روش استفاده از پوسته برنج در تولید انرژی استفاده کردند. (Zheng et al., 2022) از این الگوریتم برای ارزیابی تأثیر اسید هیومیک بر عملکرد برنج در روش‌های مختلف آبیاری استفاده کردند. (Yu et al., 2024) از نتایج ارزیابی صفات فنوتیپی آزمون تیپ و الگوریتم امتیازدهی TOPSIS به‌منظور انتخاب منابع ژرم‌پلاسما برتر برای به‌نژادی و بهبود صفات ارزن ایتالیایی^۲ استفاده کردند. بدیهی است کاربرد روش TOPSIS برای ارزیابی روش‌های کشت و انتخاب راهبردها و اقدامات در کشاورزی و به‌نژادی بسیار با ارزش است.

هدف از این پژوهش بررسی تمایز و همچنین هدایت برنامه‌ریزی به‌نژادی و تهیه ارقام خربزه از طریق ارزیابی تنوع فنوتیپی اندام‌های مختلف این گیاه از جمله برگ، گل و میوه و همچنین تحلیل آماری این صفات است. همچنین، مجموعه‌ای از صفات کلیدی از میان صفات آزمون تیپ برای بهبود کارایی تمایز ارقام خربزه و کاهش هزینه‌های نیروی کار انتخاب خواهد شد. تجزیه و تحلیل همبستگی، تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی^۳، نمودار جعبه‌ای^۴ و رتبه‌بندی^۵ برای طبقه‌بندی ارقام بر اساس اهمیت و تشابه این صفات انجام خواهد شد. یافته‌های این پژوهش در ثبت و تجاری‌سازی، بررسی تنوع و حفاظت از حقوق مالکیت فکری به‌نژادگران ارقام خربزه و همچنین تعیین صفات منحصربه‌فرد ارقام این گیاه سودمند خواهد بود. همچنین این ارقام به‌عنوان مرجعی

1- Food Agricultural Organization

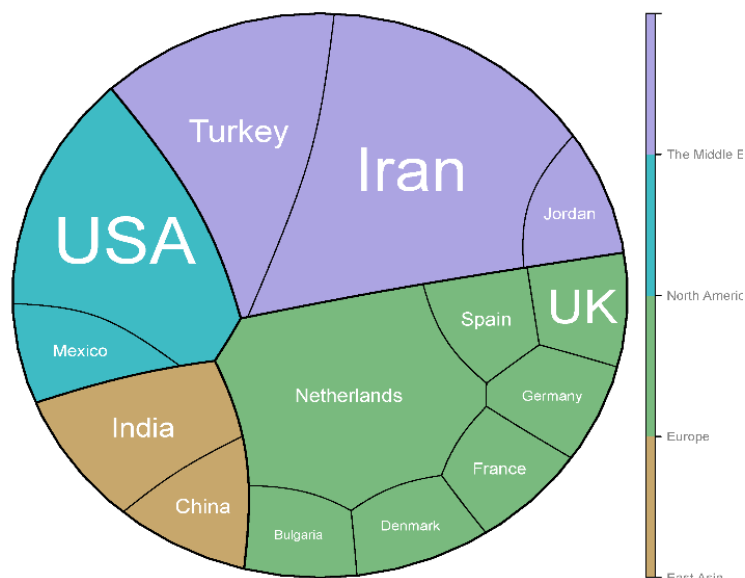
2- Foxtail millet L.

3- Principal Component Analysis

4- Boxplot

5- Ranking

6- Randomized Complete Block Design



شکل ۱- توزیع جغرافیایی منشأ ارقام خربزه بررسی شده در این پژوهش.

Figure 1- Distribution of the origin of melon varieties studied in this current investigation in different countries.

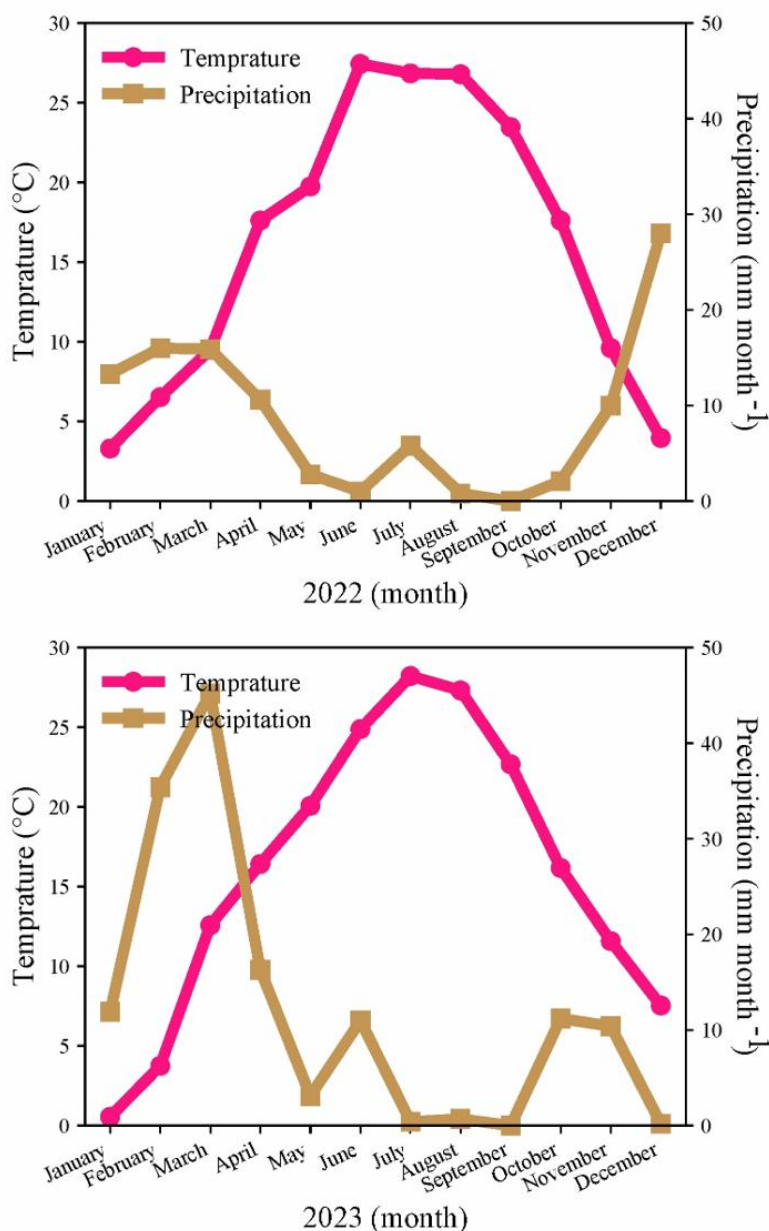
آزمون تیپ ارقام خربزه

بر اساس دستورالعمل UPOV، در مجموع ۶۷ صفت مورفولوژیک مطابق با دستورالعمل بین‌المللی آزمون تیپ در خربزه (TG/104/5-2019)، بر روی ۲۰ بوته یا قسمت‌هایی از ۲۰ بوته برای شناسایی تفاوت‌های ریخت‌شناختی در ۳۱ رقم مشاهده و یا اندازه‌گیری شد. فهرست صفات ارزیابی شده در جدول ضمیمه ۳ آورده شده است.

برای ثبت اطلاعات صفات، از روش‌های مشاهده جمعیت (VG^1)، اندازه‌گیری جمعیت (MG^2) و اندازه‌گیری تک‌تک (MS^3) استفاده شد. صفات مشاهده شده از طریق روش‌های VG و MG برای هر کرت به‌عنوان واحدهای مشاهده، ثبت شد و هر رقم برای ایجاد یک کد (صفت VG) یا یک مقدار (صفت MG) بررسی شد. یافته‌های مشاهده‌ای برای سال دوم (دو چرخه رشد مستقل) بر اساس مشاهده‌های سال اول بود و از نتایج سال دوم برای تجزیه و تحلیل داده‌ها استفاده شد. صفات مشاهده‌شده با روش MS در واحد تک گیاه ارزیابی شد. بیست بوته از هر رقم به‌طور

تصادفی ارزیابی شد. نتایج هر سال برای تعیین کد هر صفت ارزیابی شد و مقدار میانگین کد در طول دو سال برای تجزیه و تحلیل استفاده شد. روش MG برای درجه‌بندی صفات قابل اندازه‌گیری از جمله طول دمبرگ، طول دم‌میوه جوان، ضخامت دم‌میوه در یک سانتی‌متری از میوه جوان، طول و قطر میوه، نسبت طول به قطر میوه، طول بذر، عرض بذر، زمان گلدهی نر و ماده و زمان رسیدن میوه با استفاده از شاخص‌های آماری به کار رفت. این صفات کمی با استفاده از تجهیزات مقیاس‌دار (خط کش و کولیس ورنیه دیجیتال با دقت ۰/۰۱ میلی‌متر) ارزیابی شدند. شاخص یکنواختی جمعیت در این گیاه وجود تنها یک گیاه خارج از تیپ در میان بیست گیاه است. اگر جمعیت یکنواخت باشد، پایدار نیز در نظر گرفته می‌شود (Xu et al., 2023). از پهنک برگ کاملاً بالغ بین گره‌های پانزدهم و بیستم برای ثبت مشاهده‌ها استفاده شد. مشاهده‌ها بر روی میوه بین گره‌های دهم تا بیستم گیاه، پس از گرده افشانی انجام شد. رنگ پوست و گوشت میوه با استفاده از نمودار رنگی RHS^4 ارزیابی شد.

- 1- Population Observation
- 2- Population Measurement
- 3- Individual Measurement
- 4- Royal Horticultural Society Color Chart



شکل ۲- میانگین دما و بارندگی ماهیانه در موسسه ثبت و گواهی بذر و نهال کرج در سال های ۱۴۰۱ و ۱۴۰۲

این فرمول P_i را به عنوان نسبت تعداد رقم در امتیاز i ام یک صفت به تعداد کلی صفات تعریف می کند.

$C.V.$ نیز با استفاده از فرمول $CV = s/x$ محاسبه شده که s بیانگر انحراف معیار و x بیانگر میانگین است (Divakara & Das, 2011).

Figure 2- Average monthly temperature and rainfall recorded at Seed and Plant Certification and Registration (SPCRI) Institute in Karaj (35° 48' 29.5" N, 50° 58' 18" E; 1350 m), Alborz province, Iran in 2022-2023

تجزیه های آماری

امتیاز است. X و s به ترتیب نشان دهنده میانگین و انحراف معیار هستند. تنوع ۶۷ صفت آزمون تیپ در ۳۱ رقم خربزه با استفاده از نمودارهای جعبه ای توسط بسته $Vioplot^1$ در نرم افزار R (نسخه ۳.۶.۰) نمایش داده شده است.

صفات کمی و شبه کیفی، به کدهای ۱-۹ تبدیل شده و بر اساس شاخص های آماری به ۹ امتیاز، نمره $X - 2s > 10$ تا نمره $X + 2s > 10$ تقسیم شده است. هر فاصله امتیاز ۰/۵ انحراف معیار بین یک تا نه

1- Vioplot package

بسیاری از صفات آزمون تیپ، میوه خربزه را ارزیابی می کنند، بنابراین به طور مستقیم یا غیرمستقیم عملکرد گیاه نیز توسط این آزمون سنجیده می شود (Szamosi et al., 2010). بنابراین فنوتیپ سنجی^۶ میوه برای درک تنوع ژنتیکی و همچنین تهیه ارقام جدید ضروری است و این سامانه توصیف گر میوه خربزه می تواند با صفات تکمیلی مانند وزن میوه توسعه یابد.

تنوع قابل توجهی در میان صفات آزمون تیپ مشاهده شد، به طوری که میانگین ضریب تغییرات (C.V.) ۱/۳۳٪ و در محدوده صفر تا ۹۵/۹۳٪ بود (جدول ضمیمه ۶)، که بیانگر تنوع قابل توجه در این صفات است. در این پژوهش مقادیر ضریب تغییرات شیارهای میوه (P43)، شدت رنگ شیار میوه جوان (P19) و برجستگی رنگ شیار میوه جوان (P18) به ترتیب ۹۵/۹۳٪، ۸۵/۵۵٪ و ۸۴/۲۶٪ بود. این سه صفت بالاترین تنوع ژنتیکی را ما بین صفات بررسی شده داشتند. با این وجود، تفاوت معنی داری مابین ارقام خربزه در صفات تغییر رنگ پوست از میوه جوان تا بلوغ (P23)، موقعیت حداکثر قطر میوه (P27)، خاردار بودن میوه (P38) و زمان گلدهی ماده (P66) مشاهده نشد. میزان پایین ضریب تغییرات برای این صفات بیانگر آن است که تنوع و وراثت پذیری این صفات بسیار کم است.

شاخص های شانون-وینر (H') و جینی سیمپسون (D) صفات به ترتیب از صفر تا ۳/۷۱ و ۰/۹۹۰ متغیر بود (جدول ضمیمه ۶). نتایج این شاخص ها نیز میزان تنوع بالای صفات آزمون تیپ را در این آزمایش نشان داد. تنوع ژنتیکی بالایی در صفات زمان گلدهی نر و چروکیدگی سطح میوه توسط شاخص های تنوع (H', D) مشخص شد.

تفاوت های ریخت شناختی بین ارقام خربزه در طی دو سال آزمون تیپ با استفاده از نمودار جعبه ای هر یک از صفات نیز نمایش داده شده است (شکل ۳). طیف وسیع تنوع صفات در شناسایی، تفکیک و توصیف ارقام و همچنین حذف موارد

شاخص های آماری با محاسبه حداقل (Min)، حداکثر (Max)، میانگین، میانه، انحراف معیار (S.D^۱)، ضریب تغییرات (C.V.) و درصد حالت بیان هر صفت آزمون تیپ پس از محاسبه میانگین ارزش داده های دو ساله تجزیه و تحلیل شد. ضرایب همبستگی رتبه اسپیرمن برای هر جفت صفت با استفاده از PROC CORR در نرم افزار SAS 9.4 محاسبه شد. نرم افزار متلب Matrix laboratory, MathWorks Inc., Natick,) R2023 Massachusetts, USA) برای انجام و تجزیه و تحلیل های M-² TOPSIS و مؤلفه اصلی (PCA³) بر روی صفات آزمون تیپ برای رتبه بندی ارقام مورد بررسی و تعیین سهم هر صفت در واریانس کلی ارقام استفاده شد. M-TOPSIS، روشی است که از فاصله داده ها تا نقطه ایده آل برای محاسبه مناسبترین شرایط یا افراد استفاده می کند (Yu et al., 2024). صفات اصلی آزمون تیپ با توجه به نتایج امتیاز PCA⁴ انتخاب شدند.

تنوع ریخت شناختی با استفاده از فراوانی پراکندگی صفات، شاخص های تنوع شانون-ویور (H') و جینی سیمپسون ارزیابی شد (Hong et al., 2021; Mallikarjuna et al., 2024). شاخص شانون-ویور (H') برای هر صفت با استفاده از رابطه $H' = -\sum P_i \ln P_i$ (Lei et al., 2018) محاسبه شد.

نتایج و بحث

صفات آزمون تیپ خربزه

اکنون ارقام گیاهی عمدتاً توسط صفات مزرعه ای با استفاده از دستورالعمل های آزمون تیپ شناسایی می شوند. امتیاز ارزیابی صفات آزمون تیپ و درصد فراوانی حالت بیان^۵ هر یک از این صفات در ارقام مختلف به ترتیب در جدول های ضمیمه ۴ و ۵ ارائه شده است. صفات میوه بیش از ۷۰٪ از صفات آزمون تیپ را پوشش می دهد که بیانگر نقش کلیدی میوه در شناسایی و طبقه بندی ارقام جدید خربزه است (جدول ضمیمه ۶). هدف اساسی باغبانی خربزه تولید میوه های خوراکی است. از آنجا که

1- Standard deviation

2- Modified-Technique for Order of Preference by Similarity to Ideal Solution

3- Principal Component Analysis

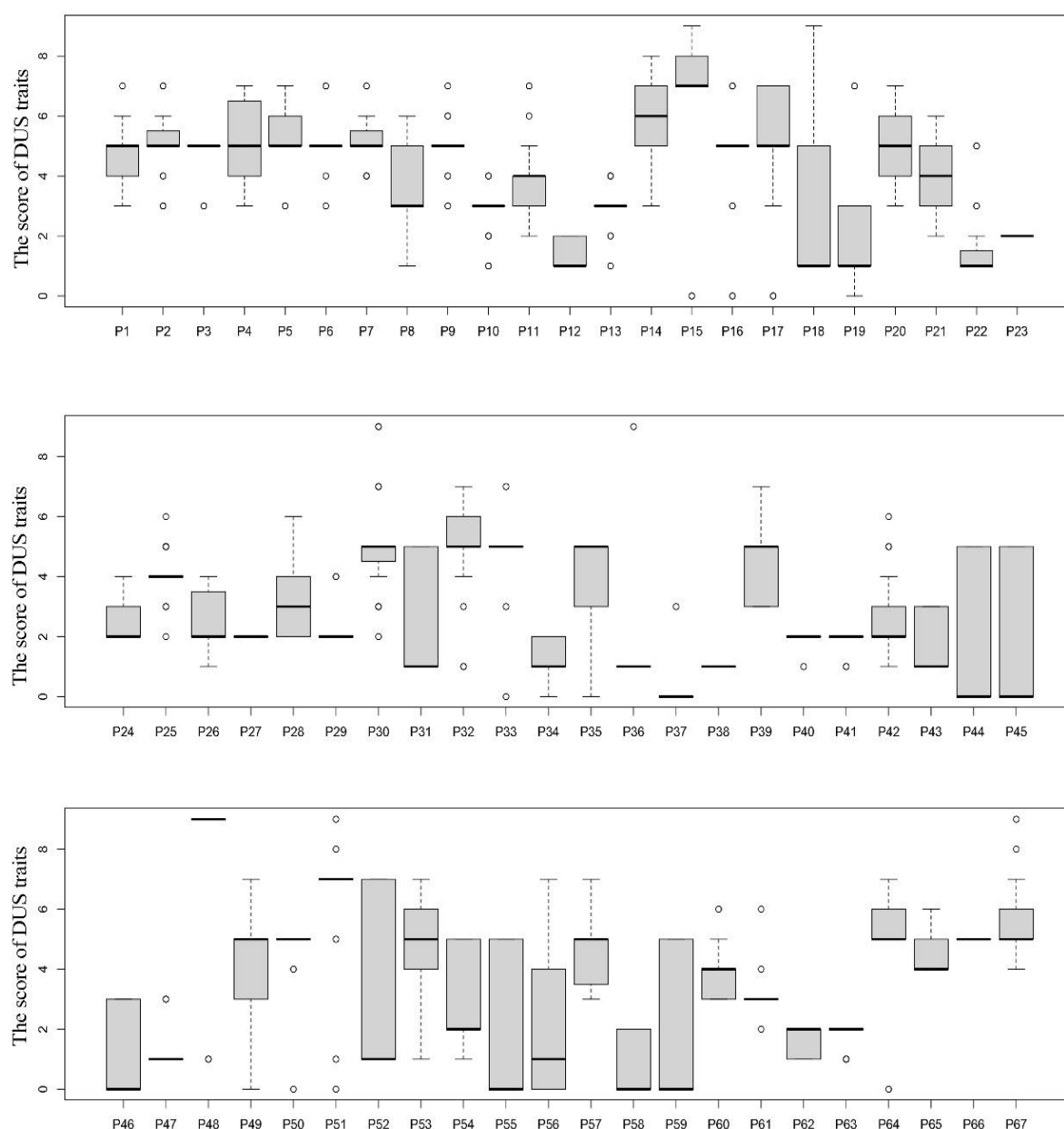
4- PCA Score

5- Expression state

6- Phenotyping

ارقام خربزه را بررسی کرده‌اند (Guliyev et al., 2018; Koca
& Paksoy, 2023; Szamosi et al., 2010).

تکراری در مجموعه‌ها^۱ و به‌کارگیری مؤثرتر آنها در فرآیند
به‌نژادی موثر است. پژوهش‌های متعددی نیز تنوع ریخت‌شناختی



شکل ۳- تجزیه و تحلیل نمودارهای جعبه‌ای ۶۷ صفت آزمون تیپ ارقام خربزه.

P1 تا P67 نمایش‌دهنده صفات آزمون تیپ ارقام است و نام کامل صفات در جدول ضمیمه ۳ ارائه شده‌است.

حاشیه بالا و پایین هر جعبه چارک اول و سوم را نشان می‌دهند و خط پررنگ در هر جعبه، میانه را نشان می‌دهد. دایره کوچک بیانگر مقادیر غیرعادی هر صفت است.

Figure 3- Box-plots analysis of the 67 DUS fingerprints of the investigated melon varieties.

P1 to P67 represent the studied DUS testing characters, and the full name is provided in Additional table 3.

The top and bottom border of box are for the first and third quartile, and the bold line in the box is for median.

The small circle means the abnormal values in each character.

کاربست صفات اصلی در بهبود کارایی شناسایی ارقام

انتخاب صفات اصلی آزمون تیپ رویکردی ضروری برای شناسایی ارقام است زیرا با افزایش دقت تمایز ارقام مشابه، کارایی شناسایی ارقام را بهبود می‌یابد (Zhang et al., 2022; Zhang et al., 2023). برای بهبود دقت شناسایی ارقام از طریق آزمون تیپ در مزرعه، بیست صفت اصلی بر اساس صفات بررسی شده انتخاب شده‌اند و یافته‌های آماری مبتنی بر نتایج امتیاز PCA، نتایج تمام صفات آزمون تیپ را کاملاً منعکس می‌کند. هر چه امتیاز مولفه اصلی هر صفت بالاتر باشد، سهم بالقوه آن صفت در واریانس تنوع ریخت‌شناختی برای شناسایی رقم خربزه افزایش می‌یابد. بیست صفت برتر آزمون تیپ خربزه با بالاترین امتیاز PCA (جدول ۱) شامل هفده صفت میوه، یک صفت گل آذین، یک صفت برگ و یک صفت بذر بود (جدول ۱). تشکیل چوب‌پنبه در میوه (P48) بالاترین امتیاز PCA (۱۳/۱۱)، را در میان بیست صفت اصلی داشت که بیانگر آن است که مهم‌ترین صفت برای تمایز ارقام خربزه است و می‌توان از آن به‌عنوان یک صفت متمایزکننده برای شناسایی ارقام خربزه در آزمون‌های تیپ آتی استفاده کرد. سایر صفات اصلی عبارتند از تراکم لکه‌ها بر روی میوه جوان، اندازه لکه میوه، تراکم الگوی تشکیل چوب‌پنبه میوه و ... که می‌توانند به شناسایی تمایز بین ارقام خربزه کمک کند (جدول ۱). آزمون‌های تسریع‌شده تیپ بر اساس صفات اصلی و کلیدی می‌توانند کارایی شناسایی و طبقه‌بندی ارقام را بهبود داده و باعث صرفه‌جویی در زمان و هزینه نیروی کار شوند.

روابط همبستگی رتبه‌ای مابین صفات آزمون تیپ

با توجه به ارزیابی صفات آزمون تیپ ارقام خربزه، داده‌های صفات P23، P27، P38 و P66 در بین ارقام خربزه بدون تغییر بود. بررسی دو به دو ضرایب همبستگی رتبه‌ای اسپیرمن ۶۳ صفت باقیمانده آزمون تیپ نشان داد که برخی صفات کاملاً مستقل هستند، در حالی که برخی دیگر همبستگی معنی‌دار مثبت یا منفی با یکدیگر دارند (شکل ۴-الف، جدول ضمیمه ۷). بیشترین همبستگی مثبت ما بین اندازه و تراکم لکه میوه (P36 و P37)

($r=1$) و بیشترین همبستگی منفی ما بین رنگ اصلی گوشت میوه (P54) و رنگ ثانویه سالمون^۲ گوشت میوه (P56)، ($r=0.92$)، مشاهده شد (جدول ضمیمه ۷). نتایج این پژوهش بیانگر آن است که صفات فنوتیپی به شدت به یکدیگر مرتبط هستند و همبستگی بالا ممکن است آثار نامناسبی بر گروه‌بندی‌های فنوتیپی ارقام داشته باشد.

نمودار حلقه‌ای برای نمایش و درک روابط ما بین بیست صفت اصلی آزمون تیپ در ارقام خربزه نمایش داده شده است (شکل ۴ ب؛ جدول ضمیمه ۸). صفات میوه با بیش از ده صفت آزمون تیپ همبستگی بالایی داشت که بیانگر اهمیت آنها در این آزمون است (شکل ۴ الف؛ جدول ضمیمه ۷). صفات رنگ زمینه پوست میوه (P31) و رنگ اصلی گوشت میوه (P54) به‌ترتیب با ۱۴ و ۱۳ صفت دیگر همبستگی معنی‌دار داشتند. همچنین شدت رنگ سبز پهنک برگ (P5)، برجستگی رنگ شیار میوه (P18) و طول دم‌میوه (P20) به‌ترتیب با ۱۲ صفت دیگر همبستگی معنی‌دار داشتند (شکل ۴ الف). نه صفت (P6، P10، P11، P13، P22، P32، P62، P65 و P67) (توسعه لوب‌های پهنک برگ، حالت قرار گیری دمبرگ، طول دمبرگ، شدت رنگ سبز پوست میوه، گسترش ناحیه تیره‌تر اطراف دم‌میوه، تراکم لکه بر روی میوه، شکل بذر، زمان گلدهی، زمان رسیدن میوه) با سایر صفات همبستگی نداشتند که بیانگر آن است که کمترین تأثیر را در تشکیل و نمو سایر صفات داشته‌اند (شکل ۴ الف؛ جدول ضمیمه ۷).

مابین ضریب همبستگی بیست صفت اصلی آزمون تیپ، هشت صفت به‌طور قابل توجهی با دیگر صفات آزمون تیپ همبستگی داشتند که نشان‌دهنده کارایی ۴۰٪ ضریب همبستگی صفات اصلی آزمون تیپ است (شکل ۴ الف و ب؛ جدول ضمیمه ۸). با این حال، تنها ۱۶/۳۸٪ از صفات آزمون تیپ تمام صفات، ضریب همبستگی معنادار داشتند.

آزمون تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCA)

نمودار مولفه‌های اول و دوم ارقام خربزه مورد بررسی، توزیع و رابطه ارقام را بر اساس تغییرات صفات چند شکل^۳

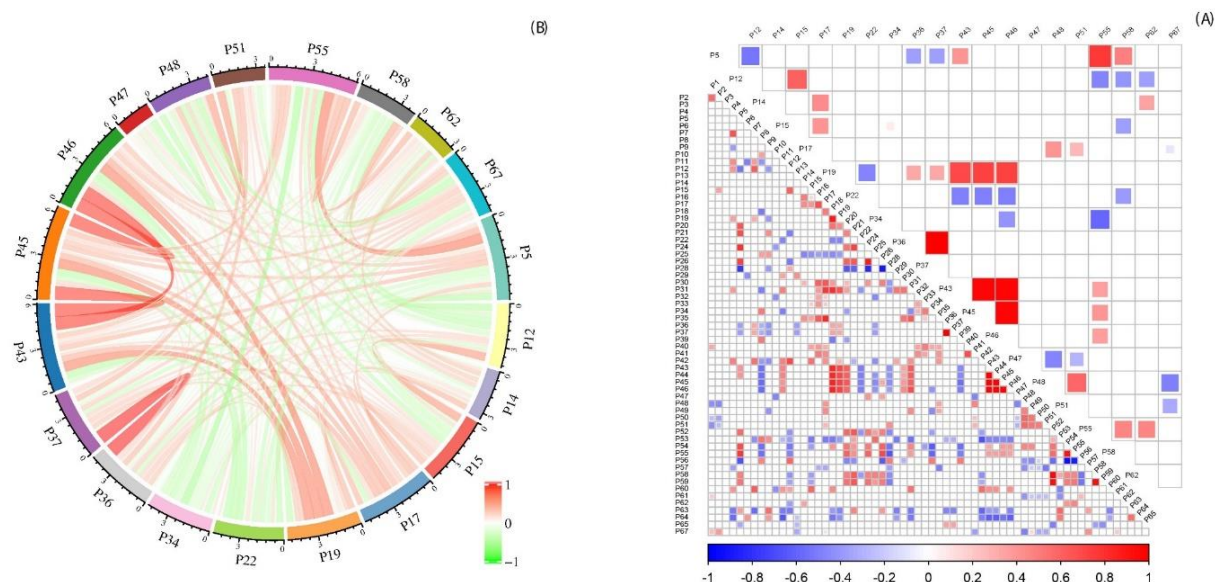
1- Patches
2- Salmon
3- Polymorph

داد که ارقام خربزه به چهار گروه تقسیم می‌شوند (شکل ۵ الف، ب، ج و جدول‌های ضمیمه ۹ و ۱۱). اولین گروه به‌طور عمده از ارقام تیپ گالیا^۱ تشکیل شده است. گروه دوم عمدتاً از ارقام تایپ طالبی^۲ تشکیل شده است، در حالی که گروه‌های سوم و چهارم عمدتاً به‌ترتیب از ارقام تیپ‌های American Eastern/Western و آناناسی^۳ تشکیل شده‌اند (شکل ۵ الف، ب، ج و جدول‌های ضمیمه ۹ و ۱۱).

ابعاد اندازه‌گیری شده توسط صفات به سیزده مولفه مهم کاهش یافت که بیش از ۸۹٪ از کل واریانس با مقادیر ویژه بزرگتر از یک را تشکیل می‌دهند (جدول‌های ضمیمه ۹ و ۱۱).

مورفوفیزیولوژیک آزمون تیپ (شکل ۵ الف)، صفات اصلی (شکل ۵ ب) و سایر صفات آزمون تیپ (شکل ۵ ج) نشان می‌دهد. تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی تفاوت فنوتیپی ما بین ارقام خربزه را به وضوح نشان می‌دهد، بنابراین این صفات می‌توانند به‌عنوان شاخص مناسبی برای شناسایی ارقام خربزه بکار روند. روش تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی در کاهش مؤثر ابعاد داده‌های بزرگ، حداکثرسازی تفسیرپذیری داده‌ها، حداقل‌سازی حذف اطلاعات و شناسایی صفات کلیدی و مناسب آزمون تیپ که عمدتاً در تسهیل بررسی تنوع ارقام مؤثرند، بکار رفته است (Jolliffe & Cadima, 2016; Nardo et al., 2005).

نمودار دو مولفه اول PCA داده‌های فنوتیپی آزمون تیپ نشان



شکل ۴- همبستگی ۶۳ صفت در ۳۱ رقم خربزه.

(الف) نقشه حرارتی تجزیه و تحلیل همبستگی ۶۳ صفت آزمون (مثلث پایینی) و ۲۰ صفت اصلی (مثلث بالایی) شناسایی ارقام. (ب) نمایش حلقوی بین بیست صفت اصلی. توجه: رنگ‌ها و مساحت مربع‌ها میزان مطلق r را نشان می‌دهد. مربع‌های قرمز و آبی به‌ترتیب همبستگی مثبت و منفی را نشان می‌دهند. مربع‌های بدون رنگ پس‌زمینه، همبستگی غیر معنی‌دار با میزان P-value بالاتر از ۰/۰۱ دارند. مخفف P1 تا P67 در جدول ضمیمه ۳ ارائه شده است.

Figure 4- Correlation of 63 characters in thirty-one investigated *C. melo* varieties:

(A) heat map for correlation analysis of 63 testing characters (lower triangle) and 20 core characteristics (upper triangle) for variety identification. (B) Circos visualization between 20 core characters.

Note: The colors and areas of the squares indicate the absolute value of the corresponding r . red and blue squares show positive and negative correlations, respectively. The squares without background color show non-significant correlations with P value above 0.01. The abbreviation of P1 to P67 was same as Additional table 3.

- 1- Galia type
- 2- Cantaloupe type
- 3- Ananasi type

جدول ۱- رتبه‌بندی ۲۰ صفت اصلی آزمون تمایز، یکنواختی و پایداری ارقام خربزه.

Table 1- Ranking of the 20 core DUS testing characteristics of Melon (*Cucumis melo* L.) varieties.

Trait ID شناسه صفت	Trait information اطلاعات صفت	PCA score نمره PCA
1	P48 میوه: تشکیل چوب پنبه Fruit: cork formation	13.1106
2	P15 میوه جوان: تراکم نقطه‌ها Young fruit: density of dots	8.9912
3	P37 میوه: اندازه لکه‌ها Fruit: size of patches	8.8779
4	P51 میوه: تراکم الگوی لایه چوب پنبه Fruit: density of pattern of cork formation	7.839
5	P58 فقط ارقامی که دارای تغییرات رنگ پوست از رسیدگی میوه تا رسیدگی کامل میوه دارند میوه در زمان رسیدگی کامل: حالت رنگی پوست Only varieties with change of skin color from maturity to over maturity: Fruit at over maturity: hue of color of skin	6.7927
6	P14 میوه جوان: شدت رنگ سبز پوست Young fruit: intensity of green color of skin	6.6011
7	P47 میوه: چین دار بودن پوست Fruit: creasing of surface	6.2344
8	P46 میوه: رنگ شیارها Fruit: color of grooves	6.1575
9	P36 میوه: تراکم لکه‌ها Fruit: density of patches	6.0796
10	P12 گل آذین: تظاهر جنسی Inflorescence: Sex expression	5.671
11	P34 میوه: رنگ نقطه‌ها Fruit: color of dots	5.5812
12	P62 بذر: شکل Seed: shape	4.9619
13	P5 پهنک برگ: شدت رنگ سبز Leaf blade: intensity of green color	4.9496
14	P19 میوه جوان: شدت رنگ شیارها Young fruit: intensity of groove coloring	4.8326
15	P67 زمان رسیدگی میوه Time of ripening	4.7211
16	P17 میوه جوان: تضاد بین لکه‌ها با رنگ زمینه Young fruit: contrast of dot color/ground color	4.6999
17	P43 میوه: شیارها Fruit: grooves	4.5987
18	P22 میوه جوان: گسترش محدوده تیره اطراف دم گل Young fruit: extension of darker area around peduncle	4.5884
19	P45 میوه: عمق شیارها Fruit: depth of grooves	4.4822
20	P55 فقط در ارقامی که رنگ غالب گوشت میوه‌های آنها نارنجی است: میوه: شدت رنگ نارنجی Only varieties with main color of flesh: orange: intensity of orange color of flesh	4.3423



شکل ۵- نمودارهای تجزیه و تحلیل دو مولفه اول تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی در ۳۱ رقم خربزه توسط ۶۷ صفت آزمون تیپ (الف)، ۲۰ صفت اصلی (ب)، و ۴۷ صفت باقیمانده آزمون تیپ (ج). ارقام مورد بررسی توسط داده‌های صفات آزمون تیپ و داده‌های صفات اصلی تیپ به چهار زیر گروه تقسیم شدند. توجه: Pop1 به رنگ سبز، Pop 2 به رنگ بنفش، Pop3 به رنگ آبی و Pop4 به رنگ زرد است.

Figure 5- PCA scatter plots of the 31 melon (*Cucumis melo* L.) varieties were analyzed by 67 DUS testing characters (A), 20 core characters (B), and the remaining 47 DUS testing characters (C). The investigated varieties were divided into four subpopulations by both DUS testing characters data and core DUS character data. Note: Pop1 is colored in green, pop 2 is colored in purple, Pop3 is colored in blue and Pop4 is colored in yellow.

۴۸ (*Cucumis melo subsp. melo var. flexuosus* melon) توده خربزه قرقیزستان و ترکیه (آناتولی) به ترتیب ۳۸/۷۴٪، ۳۹/۴٪، ۶۴٪، ۴۴٪، ۶۶٪، ۷۸٪، ۵۱٪، ۵۱٪، ۵۱٪ از کل تغییرات در به ترتیب سه، سه، سه، سه، دو، سه، چهار، سه، سه مولفه با مقادیر ویژه بیشتر از یک را توجیه می کند.

ارزیابی و رتبه بندی ارقام به روش M-TOPSIS

رویکرد امتیازدهی بهبود یافته M-TOPSIS، به روز و کاربردی تر از TOPSIS است (Yu et al., 2024). در این پژوهش ده صفت اندازه گیری شده شامل طول و ضخامت دمبرگ، طول لوب انتهایی برگ، طول های دم میوه و میوه، طول و عرض میوه، ضخامت گوشت میوه، عرض دانه و نسبت طول به عرض میوه مابین صفات آزمون تیپ برای این ارزیابی در ارقام خربزه انتخاب شدند. پنج رقم برتر بر اساس این ارزیابی مارکو^۳، جانا^۴، امید^۵، آناناس اینکس^۶ ۱۰۰۸ و آزد^۷ ۸۹ هستند که به عنوان ارقام مناسب و با کیفیت شناخته می شوند (جدول ۲) و قابلیت استفاده در برنامه های به نژادی گیاه خربزه به عنوان منابع جدید ژنتیکی برای افزایش عملکرد را دارد. این ارقام برتر می توانند در تلاش های به نژادی برای ایجاد دورگ های برتر با هدف بهبود عملکرد ارقام خربزه به عنوان لاین های والدی استفاده شوند. رویکرد رتبه بندی TOPSIS بر اساس صفات آزمون تیپ برای رتبه بندی، طبقه بندی و تعیین ژرم پلاسماهای برتر ارزن ایتالیایی نیز استفاده شده است (Yu et al., 2024).

نتیجه گیری

شناسنامه^۸ مورفولوژیک آزمون تیپ، ابزاری کلیدی برای شناسایی مزرعه ای، مستندسازی، گروه بندی، ثبت و تجاری سازی ارقام است. این شناسنامه ها به کارشناسان ارزیاب آزمون تیپ کمک می کنند تا به سرعت ارقام جدید را از طریق بازرسی

اولین مولفه که به عنوان عامل شیار میوه معرفی شد، ۱۹/۱۳٪ از کل تغییرات را به خود اختصاص داد و شامل صفات عرض (P44)، عمق (P45)، رنگ شیار (P46) و برجستگی شیار میوه (P18) بود (جدول ضمیمه ۱۰). میزان تغییر رنگ پوست میوه از مرحله رسیدگی به رسیدگی کامل^۱ (P52)، رنگ پوست میوه در رسیدگی کامل (P58) و شدت رنگ زرد پوست میوه در رسیدگی کامل (P59) در دومین مولفه اصلی (۱۶/۷۷٪) به عنوان عامل تغییر رنگ پوست میوه قرار گرفت (جدول ضمیمه ۱۰). سومین مؤلفه اصلی (۱۲/۲۹٪) که به عنوان عامل تشکیل چوب پنبه میوه نیز شناخته می شود، عمدتاً نمایانگر تشکیل چوب پنبه (P48) و الگوی تشکیل آن (P50) است. در مولفه چهارم (۹/۶٪) صفت اندازه لکه میوه (P33) بالاترین بار عاملی^۲ را داشت. سپس صفات تراکم (P36) و اندازه لکه میوه (P37) بیشترین میزان بار عاملی را داشتند، بنابراین مولفه پنجم (۷/۴۶٪) به عنوان مولفه لکه شناخته می شود. صفات رنگ پوست میوه در مرحله رسیدگی کامل (P58)، چین خوردگی سطح میوه (P47)، طول محور زیر لپه گیاهچه (P1)، شدت رنگ سبز گیاهچه (P3)، توسعه لوب های پهنک برگ (P6)، گسترش ناحیه تیره اطراف دم میوه (P22)، سفتی گوشت میوه (P57) و شدت رنگ زمینه پوست میوه (P29) به ترتیب بیشترین میزان بار عاملی را در میان مولفه های با مقدار ویژه بیشتر از یک داشتند (جدول ضمیمه ۱۰).

تجزیه و تحلیل مولفه های اصلی همچنین برای تعیین رابطه زیستی ژنوتیپ های خربزه جمع آوری شده در سراسر جهان استفاده شده است. پژوهش ها توسط (Ali-Shtayeh et al., 2017; Can & Turkaman, 2022; Escibano & Lázaro, 2009; Guliyev et al., 2018; Liu et al., 2004; Merheb et al., 2020; Soltani et al., 2010; Szamosi et al., 2010; Yildiz et al., 2014) بر روی ۷۲ توده خربزه، توده خربزه اسپانیایی، خربزه ایرانی، خربزه ترکی و مجارستانی، توده های خربزه ترکی، ژنوتیپ های Snake melon، توده های خربزه، توده های Snake

- 1- Over-maturity
- 2- Loading value
- 3- Marko
- 4- JANNA
- 5- Omid
- 6- Ananas INX 1008
- 7- AZ89
- 8- Descriptor

می دهد. بنابراین به نظر می رسد تاکید بر بیست صفت کلیدی بر اساس نتایج امتیاز PCA می تواند در تسریع و تسهیل شناسایی ارقام موثر باشد. تجزیه و تحلیل مؤلفه های اصلی برای مرتب سازی ارقام بر اساس برتری های صفات و الگوهای همبستگی انجام شد که سیزده مؤلفه اول ۸۹/۳۰٪ واریانس را پوشش می دهند. با توجه به تحلیل رتبه M-TOPSIS به ترتیب ارقام مارکو، جانا، امید، آناناس اینکس ۱۰۰۸ و آزد ۸۹ امتیاز بالاتری کسب کردند و می توانند در برنامه های به نژادی بر اساس اهداف خاص برای تهیه ارقام اصلاح شده به کار روند یا به منظور افزایش بازدهی تولید برای کشت توصیه شوند. یافته های این پژوهش به توسعه بیشتر شناسنامه توصیفی و ساده سازی دستورالعمل آزمون تیپ خربزه منجر می شود.

چشمی در سطح ریخت شناختی شناسایی کنند تا از این طریق خلوص بذر هر رقم حفظ شود. همچنین این شناسنامه ها در تنظیم برنامه های به نژادی گیاهی برای تهیه ارقامی که عملکرد بالاتری دارند هم موثر است. در این پژوهش، صفات فنوتیپی آزمون تیپ (گیاهچه، برگ، گل، میوه و بذر) مابین ارقام بسیار متنوع بودند. این ارقام می توانند به عنوان ارقام شاهد خربزه در آزمون های تیپ آتی نیز استفاده شوند. همچنین امتیاز صفات ریخت شناختی آزمون تیپ در خربزه با استفاده از روش های آماری تجزیه و تحلیل شد. از آنجا که شناسایی ارقام بر اساس تمام صفات ریخت شناختی فرآیندی زمان بر و دشوار است، انتخاب صفات کلیدی آزمون تیپ بر اساس نتایج امتیاز PCA راهبردی ضروری و روشی کلیدی برای شناسایی و تجاری سازی ارقام است، روشی که دقت تمایز و کارایی شناسایی ارقام مشابه را نیز افزایش

جدول ۲- ارزیابی و رتبه بندی ارقام خربزه بر اساس روش M-TOPSIS.

Table 2- Assessment and ranking of melon varieties based on M-TOPSIS method.

ارقام	نمره	رتبه	ارقام	نمره	رتبه	ارقام	نمره	رتبه
Varieties	Score	Rank	Varieties	Score	Rank	Varieties	Score	Rank
Marko	0.692	1	Durango	0.468	11	Faraz	0.395	21
JANNA	0.545	2	Ramon	0.463	12	Samsouri88	0.390	22
Omid	0.544	3	Shahla	0.448	13	Tis	0.367	23
INX1008	0.534	4	Melita	0.425	14	Quick	0.356	24
AZ89	0.530	5	Delicia	0.423	15	Panco	0.344	25
Shadan	0.529	6	Persia	0.422	16	Donna	0.339	26
Dadlei	0.524	7	Patriot	0.407	17	Unique	0.336	27
Javid	0.522	8	Advance	0.400	18	Anika	0.325	28
Teresa	0.508	9	Tagete	0.398	19	Cynthia	0.310	29
Sefidak	0.491	10	Grand	0.398	20	Tavana	0.292	30
						Ronak	0.283	31

Reference

Abd El-Wahab, M. M., Abdel-Lattif, H., Emara, K. S., Mosalam, M., Aljabri, M., & El-Soda, M. (2023). Identifying SNP markers associated with distinctness, uniformity, and stability testing in Egyptian fenugreek genotypes. *PLOS ONE*, 18(9), e0291527. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0291527>

Abootalebi, S., Hadi-Vencheh, A., & Jamshidi, A. (2019). Ranking the alternatives with a modified TOPSIS method in multiple attribute decision making problems. *IEEE Transactions on Engineering Management*, 69(5), 1800–1805. <https://doi.org/10.1109/TEM.2019.2933593>

سپاسگزاری

نویسندگان از موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال برای حمایت مالی از این پژوهش با شماره پروژه ۰۱۱۲۲۲-۰۵۱-۰۸-۰۸-۲ تشکر و قدردانی می کنند.

تعارض منافع

نویسندگان این مقاله اعلام می دارند که هیچ گونه تعارض منافی در رابطه با نگارش و یا انتشار این مقاله ندارند.

- Bagherzadeh, A., & Gholizadeh, A. (2016). Modeling land suitability evaluation for wheat production by parametric and TOPSIS approaches using GIS, northeast of Iran. *Modeling Earth Systems and Environment*, 2(3), 1–11. <https://doi.org/10.1007/s40808-016-0177-8>
- Ali-Shtayeh, M. S., Jamous, R. M., Shtaya, M. J., Mallah, O. B., Eid, I. S., & Zaitoun, S. Y. A. (2017). Morphological characterization of snake melon (*Cucumis melo* var. *flexuosus*) populations from Palestine. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 64(1), 7–22. <https://doi.org/10.1007/s10722-015-0329-0>
- Ansari, W. A., Atri, N., Yang, L., Singh, B., & Pandey, S. (2020). Genetic diversity in muskmelon based on SSR markers and morphological traits under well-watered and water-deficit condition. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 26, 101630. <https://doi.org/10.1016/j.bcab.2020.101630>
- Arens, P., Mansilla, C., Deinum, D., Cavellini, L., Moretti, A., Rolland, S., & Vosman, B. (2010). Development and evaluation of robust molecular markers linked to disease resistance in tomato for distinctness, uniformity and stability testing. *Theoretical and Applied Genetics*, 120(3), 655–664. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1183-2>
- Can, H., & Türkmen, Ö. (2022). Collection of local Kyrgyzstan melon genotypes and determination of morphological relationships between some Anatolian melons. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 46(2), 257–270. <https://doi.org/10.55730/1300-011X.2976>
- Chikh-Rouhou, H., Mezghani, N., Mnasri, S., Mezghani, N., & Garcés-Claver, A. (2021). Assessing the genetic diversity and population structure of a Tunisian melon (*Cucumis melo* L.) collection using phenotypic traits and SSR molecular markers. *Agronomy*, 11(6), 1121. <https://doi.org/10.3390/agronomy11061121>
- Choudhary, B. R., Pandey, S., Rao, E. S., & Sharma, S. K. (2015). DUS characterization of muskmelon (*Cucumis melo* L.) varieties. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 85(12), 1597–1601. <https://doi.org/10.56093/ijas.v85i12.54316>
- Divakara, B. N., & Das, R. (2011). Variability and divergence in *Pongamia pinnata* for further use in tree improvement. *Journal of Forestry Research*, 22(2), 193–200. <https://doi.org/10.1007/s11676-011-0149-9>
- Divsalar, M., Hasani, F., & Shakeri, M. (2012). *Technical guideline of melon (Cucumis melo L.) cultivation*. Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Seed and Plant Certification and Registration Institute. [In Persian].
- Escribano, S., & Lázaro, A. (2009). Agro-morphological diversity of Spanish traditional melons (*Cucumis melo* L.) of the Madrid provenance. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56(4), 481–497. <https://doi.org/10.1007/s10722-008-9380-4>
- FAOSTAT. (2022). *Food and Agricultural Organization of the United Nations*. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>
- Grumet, R., Katzir, N., & Garcia-Mas, J. (Eds.). (2017). *Genetics and genomics of Cucurbitaceae*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-49332-9>
- Guliyev, N., Sharifova, S., Ojaghi, J., Abbasov, M., & Akparov, Z. (2018). Genetic diversity among melon (*Cucumis melo* L.) accessions revealed by morphological traits and ISSR markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 42(6), 393–401. <https://doi.org/10.3906/tar-1707-18>
- Hong, Y., Pandey, M. K., Lu, Q., Liu, H., Gangurde, S. S., Li, S., & Chen, X. (2021). Genetic diversity and distinctness based on morphological and SSR markers in peanut. *Agronomy Journal*, 113(6), 4648–4660. <https://doi.org/10.1002/agi2.20671>
- Jolliffe, I. T., & Cadima, J. (2016). Principal component analysis: A review and recent developments. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 374(2065), 20150202. <https://doi.org/10.1098/rsta.2015.0202>
- Kato, K., Tanaka, K., Sugiyama, M., Shigita, G., Murakami, R., Duong, T. T., & Nishida, H. (2022). Fruit trait and seed size measurements and molecular phylogenetic analysis of Kazakhstan melon as an example of melon development on the Silk Road. *Research Square*. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-1439317/v1>
- Kerje, T., & Grum, M. (2000). The origin of melon, *Cucumis melo*: A review of the literature. In *VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding* (Vol. 510, pp. 37–44). International Society for Horticultural Science. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2000.510.5>
- Koca, N., & Paksoy, M. (2023). Some morphological characteristics of Kirikkale province local melon (*Cucumis melo* L.) genotypelerinin bazı morfolojik özellikleri. *Bahçe*, 52(1), 65–71. <https://doi.org/10.53471/bahce.1277246>
- Kong, Q., Chen, J., Liu, Y., Ma, Y., Liu, P., Wu, S., Huang, Y., & Bie, Z. (2014). Genetic diversity of *Cucurbita* rootstock germplasm as assessed using simple sequence repeat markers. *Scientia Horticulturae*, 175, 150–155. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.06.009>

- Kwon, Y. S., Lee, J. M., Yi, G. B., Yi, S. I., Kim, K. M., Soh, E. H., & Kim, B. D. (2005). Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties. *Molecules and Cells*, 19(3), 428–435. [https://doi.org/10.1016/S1016-8478\(23\)13189-X](https://doi.org/10.1016/S1016-8478(23)13189-X)
- Lei, Q., Zhou, J., Zhang, W., Luo, J., Wu, K., & Long, C. (2018). Morphological diversity of panicle traits in Kam fragrant glutinous rice (*Oryza sativa*). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 65(3), 775–786. <https://doi.org/10.1007/s10722-017-0570-9>
- Liu, H., Rao, D., Guo, T., Gangurde, S. S., Hong, Y., Chen, M., & Chen, Z. (2022). Whole genome sequencing and morphological trait-based evaluation of UPOV Option 2 for DUS testing in rice. *Frontiers in Genetics*, 13, 945015. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.945015>
- Liu, L., Kakiyama, F., & Kato, M. (2004). Characterization of six varieties of *Cucumis melo* L. based on morphological and physiological characters, including shelf-life of fruit. *Euphytica*, 135, 305–313. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.945015>
- Lamrini, L., Abounaima, M. C., & Talibi Alaoui, M. (2023). New distributed-TOPSIS approach for multi-criteria decision-making problems in a big data context. *Journal of Big Data*, 10(1), 97. <https://doi.org/10.1186/s40537-023-00788-3>
- Mahapatra, S., Sureja, A. K., Behera, T. K., & Verma, M. (2022). Assessment of genetic diversity of ninety-one bottle gourd [*Lagenaria siceraria* (Mol.) Standl.] genotypes from fourteen different agro-climatic zones of India using agro-morphological traits and SSR markers. *Molecular Biology Reports*, 49(7), 6367–6383. <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07446-6>
- Mallikarjuna, K. N., Tomar, B. S., Mangal, M., Singh, N., Singh, D., Kumar, S., & Jat, G. S. (2024). Qualitative and quantitative genetic variations in bitter gourd (*Momordica charantia* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 71(7), 3745–3763. <https://doi.org/10.1007/s10722-024-01860-4>
- McCreight, J. D., Nerson, H., & Grumet, R. (1993). Melon: *Cucumis melo* L. In *Genetic improvement of vegetable crops* (pp. 267–294). Pergamon. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-040826-2.50024-2>
- Merheb, J., Pawelkowicz, M., Branca, F., Bolibok-Brągoszewska, H., Skarżyńska, A., Płader, W., & Chalakov, L. (2020). Characterization of Lebanese germplasm of snake melon (*Cucumis melo* subsp. *melo* var. *flexuosus*) using morphological traits and SSR markers. *Agronomy*, 10(9), 1293. <https://doi.org/10.3390/agronomy10091293>
- Nardo, M., Saisana, M., Saltelli, A., & Tarantola, S. (2005). *Tools for composite indicators building*. European Commission, Joint Research Centre.
- Nayak, P. P., & Datta, A. K. (2025). An entropy-based TOPSIS approach for selecting best suitable rice husk for potential energy applications: Pyrolysis kinetics and characterization of rice husk and rice husk ash. *Biomass Conversion and Biorefinery*, 15(15), 21789–21806. <https://doi.org/10.1007/s13399-022-02824-3>
- Naznin, P. M., Imoh, O. N., Tanaka, K., Sreynech, O., Shigita, G., Sophea, Y., & Kato, K. (2024). Analysis of genetic diversity and population structure in Cambodian melon landraces using molecular markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 71(3), 1067–1083. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01677-7>
- Nhi, P. T. P., Akashi, Y., Hang, T. T. M., Tanaka, K., Aierken, Y., Yamamoto, T., & Kato, K. (2010). Genetic diversity in Vietnamese melon landraces revealed by the analyses of morphological traits and nuclear and cytoplasmic molecular markers. *Breeding Science*, 60(3), 255–266. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.60.255>
- Pitrat, M. (2016). Melon genetic resources: Phenotypic diversity and horticultural taxonomy. In *Genetics and genomics of Cucurbitaceae* (pp. 25–60). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/7397_2016_10
- Pourabed, E., Jazayeri Noushabadi, M. R., Jamali, S. H., Moheb Alipour, N., Zareyan, A., & Sadeghi, L. (2015). Identification and DUS testing of rice varieties through microsatellite markers. *International Journal of Plant Genomics*, 2015(1), 965073. <https://doi.org/10.1155/2015/965073>
- Rizvi, A., Marker, S., & Bahadur, V. (2022). DUS characterization in snap melon landraces of Vindhyan region of eastern UP India as per muskmelon PPV & FRA guidelines. *Plant Archives*, 22(2). <https://doi.org/10.51470/PLANTARCHIVES.2022.v22.no2.055>
- Shigita, G., Dung, T. P., Pervin, M. N., Duong, T. T., Imoh, O. N., Monden, Y., & Kato, K. (2023). Elucidation of genetic variation and population structure of melon genetic resources in the NARO Genebank, and construction of the World Melon Core Collection. *Breeding Science*, 73(3), 269–277. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.22071>
- Sobhany, A., & Kiani, M. R. (2017). Orphological evaluation and classification of melon genotypes in Khorasan provinces (Razavi, North and South). *Journal of Horticultural Science*, 30(4), 605–615. <https://doi.org/10.22067/jhorts4.v0i0.22989>
- Soltani, F., Akashi, Y., Kashi, A., Zamani, Z., Mostofi, Y., & Kato, K. (2010). Characterization of Iranian melon landraces of *Cucumis melo* L. groups *Flexuosus* and *Dudaim* by analysis of morphological characters and random amplified polymorphic DNA. *Breeding Science*, 60(1), 34–45. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.60.34>

- Srinivasan, A., Chellappa, J., Varadaraju, A., Veerasamy, A., & Ramaiyan, K. (2023). Genetic diversity analysis in tropical sugarcane genotypes using morphometric traits. *Sugar Technology*, 25(2), 430–439. <https://doi.org/10.1007/s12355-022-01215-2>
- Szamosi, C., Solmaz, I., Sari, N., & Bársony, C. (2010). Morphological evaluation and comparison of Hungarian and Turkish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. *Scientia Horticulturae*, 124(2), 170–182. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2009.12.024>
- UPOV TG/104/5. (2019). *Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity, and stability of melon*. International Union for the Protection of New Varieties of Plants. <https://www.upov.int/edocs/tgdocs/en/tg104.pdf>
- Wang, J., Yao, J., & Li, W. (2008). Construction of a molecular map for melon (*Cucumis melo* L.) based on SRAP. *Frontiers of Agriculture in China*, 2(4), 451–455. <https://doi.org/10.1007/s11703-008-0051-1>
- Whitaker, T. W., & Davis, G. N. (1962). *Cucurbits*. Interscience Publishers.
- Xu, S., Liu, W., Liu, X., Qin, C., He, L., Wang, P., & Ma, W. (2023). DUS evaluation of nine intersubgeneric hybrids of *Paeonia lactiflora* and fingerprint analysis of the chemical components in the roots. *Frontiers in Chemistry*, 11, 1158727. <https://doi.org/10.3389/fchem.2023.1158727>
- Yildiz, M., Akgul, N., & Sensoy, S. (2014). Morphological and molecular characterization of Turkish landraces of *Cucumis melo* L. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 42(1), 51–58. <https://doi.org/10.15835/nbha4219452>
- Yu, J., Bai, X., Zhang, K., Feng, L., Yu, Z., Jiao, X., & Guo, Y. (2024). Assessment of breeding potential of foxtail millet varieties using a TOPSIS model constructed based on distinctness, uniformity, and stability test characteristics. *Plants*, 13(15), 2102. <https://doi.org/10.20944/preprints202406.1245.v1>
- Yusuf, A. B., Wibowo, W. A., & Daryono, B. S. (2022). Genetic stability of melon (*Cucumis melo* L. cv. Meloni) based on inter-simple sequence repeat and phenotypic characteristics. *Biodiversitas: Journal of Biological Diversity*, 23(6), 3042–3049. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d230631>
- Zhang, J., Ren, J., Yang, J., Fu, S., Zhang, X., Xia, C., & Wen, C. (2023). Evaluation of SNP fingerprinting for variety identification of tomato by DUS testing. *Agriculture Communications*, 1(1), 100006. <https://doi.org/10.1016/j.agrcom.2023.100006>
- Zhang, J., Yang, J., Fu, S., Ren, J., Zhang, X., Xia, C., & Wen, C. (2022). Comparison of DUS testing and SNP fingerprinting for variety identification in cucumber. *Horticultural Plant Journal*, 8(5), 575–582. <https://doi.org/10.1016/j.hpj.2022.07.002>
- Zheng, E., Zhu, Y., Hu, J., Zhang, Z., & Xu, T. (2022). Effects of humic acid on japonica rice production under different irrigation practices and a TOPSIS-based assessment on the Songnen Plain, China. *Irrigation Science*, 40(1), 87–101. <https://doi.org/10.1007/s00271-021-00754-y>