

## تعیین آلل های ناسازگاری در چند رقم گلابی ایرانی و خارجی (*Pyrus communis L.*) با استفاده از تکثیر

### اختصاصی آلل ها به روش واکنش های زنجیره ای پلیمراز

مریم باقری (۱)، احمد ارشادی (۲)، عبدالرحمن محمد خانی (۳)

۱- دانشجوی دکتری و ۲- استادیار گروه باغبانی، دانشگاه بوعلی سینا همدان-۳- استادیار گروه باغبانی، دانشکده کشاورزی،

دانشگاه شهرکرد

خود ناسازگاری گامتوفیتیک یک مکانیسم طبیعی است که در گلابی و سایر درختان میوه خانواده رزاسه وجود دارد و به وسیله یک مکان ژنی با چندین فرم آلی کنترل می شود. در تحقیق حاضر آلل های خودناسازگاری برای چند رقم گلابی اروپایی (*Pyrus communis L.*) با استفاده از آغازگرهای اختصاصی و عمومی مشخص گردید. بر اساس اندازه تخمین زده شده از محصول پی سی آر تکثیر شده با استفاده از آغازگرهای عمومی در ارقام ایرانی دم کچ و کفتر بچه، دو باند با اندازه متفاوت از محصول پی سی آر مربوط به آلل های خودناسازگاری شناخته شد، که ممکن است مربوط به آلل های جدید ناسازگاری باشد. محصول پی سی آر در این دو رقم توالی یابی گردید و با توجه به تفاوت در توالی نوکلئوتیدی و آمینواسیدی با سایر آلل ها، موقعتا این دو رقم  $S_x$  و  $S_y$  نامیده شدند. در مجموع برای هفت رقم هر دو آلل [دوشی،  $S_1, S_7$ ]، کوشیا ( $S_4, S_8$ ، پاس کولمار ( $S_1, S_6$ )، دم کچ ( $S_4, S_5$ ، قوسی ( $S_1, S_7$ )، کفتر بچه ( $S_1, S_8$ ) و لاله ( $S_1, S_8$ )] و برای یک رقم فقط یک آلل پیغمبری ( $S_5$ ) شناسایی گردید. نتایج این تحقیق نشان داد که تکنیک پی سی آر یک روش مؤثر و مفید برای تعیین ژنتوپ خود ناسازگاری در گلابی می باشد.

کلمه های کلیدی: آلل، ژنتوپ ناسازگاری، گلابی

### مقدمه:

شناسایی آلل های ناسازگاری یک روش مفید برای انتخاب صحیح گرده دهنده و ژنتوپ های مادری در برنامه های اصلاحی فراهم آورده است و همچنین در مشخص کردن شجره و منشاء بعضی ژنتوپ ها مفید است. اکثر ارقام گلابی خودناسازگار هستند، هر چند برخی ارقام گلابی می توانند به وسیله پارتونوکارپی مقداری میوه تولید کنند اما برای بدست آوردن محصول کافی و اقتصادی، کاشت درختان گرد هم زای مناسب و سازگار، الزامی به نظر می رسد.

### مواد و روش ها:

ارقام مورد بررسی شامل بارتلت، کومیس، بوره ژیفارد (به عنوان ارقام شاهد) و دوشی، کوشیا، پاس کولمار، قوسی، دم کچ، کفتر بچه، لاله و پیغمبری بود. استخراج دی ان ای به روش دویل و دویل (۱۹۸۷) انجام شد. تکثیر آللها با استفاده از ۹ جفت آغازگرهای اختصاصی و یک جفت آغازگر عمومی طراحی شده توسط سانزول و همکاران (۲۰۰۸) و به روش پی سی آر انجام گردید. خالص سازی محصول پی سی آر با کیت خالص سازی و توالی یابی توسط شرکت میل جین (فرانسه) و میزان تشابه توالی ها با نرم افزار بلست انجام شد.

### نتایج و بحث:

با استفاده از تکثیر اختصاصی و عمومی آلل ها به روش پی سی آر ژنتوپ خودناسازگاری سه رقم شاهد خارجی بارتلت، کومیس و بوره ژیفارد به ترتیب شامل ( $S_1, S_6$ ) و ( $S_4, S_5$ ) تعیین شد که با نتایج ارائه شده به وسیله سانزول و همکاران (۲۰۰۸) تطابق داشت. ژنتوپ خودناسازگاری رقم دوشی ( $S_1, S_7$ )، کوشیا ( $S_1, S_8$ ) و پاس کولمار ( $S_1, S_5$ ) تعیین شد. تا کنون گزارشی از تعیین ژنتوپ این سه رقم توسط سایر محققین منتشر نشده است. با استفاده از مجموع آغازگرهای اختصاصی و عمومی ژنتوپ ناسازگاری دو رقم گلابی ایرانی قوسی و لاله به ترتیب ( $S_1, S_7$ ) و ( $S_5, S_8$ ) تعیین شد. در هر کدام از ارقام دم کچ و کفتر بچه باندی با سایز متفاوت به دست آمد که با کمک توالی یابی محصول پی سی آر مشخص گردید که آلل یافت شده در رقم دم کچ با آلل  $S_2$  گزارش شده در *Pyrus syriaca*٪۹۸ و آلل یافت شده در رقم کفتر بچه با آلل  $S_2$ . ٪۹۷/۴ تشابه در توالی آمینواسیدی دارند. با توجه به اینکه برخی آلل های ناسازگاری دارای

تشابه بسیار زیادی از نظر توالی نوکلئوتیدی و آمینواسیدی هستند، باندهای تکثیر شده در این ارقام می‌توانند مربوط به دو آل جدید باشند که به صورت موقت ژنتیپ ناسازگاری این ارقام به ترتیب ( $S_x; S_x$ ) و ( $S_8; S_y$ ) نامگذاری شد. در رقم گلابی پیغمبری فقط یک آل ناسازگاری ( $S_5$ ) شناسایی شد. نتایج این بررسی نشان داد که تکنیک پی سی آر یک روش موثر و مفید برای تعیین ژنتیپ خودناسازگاری در گلابی می‌باشد.

Sanzol, J. and Robbins, T. 2008. Combined Analysis of S-Alleles in European Pear by Pollinations and PCR-based S-Genotyping; Correlation between S-Phenotypes and S-RNase Genotypes. Amer.Soc.Hort.Sci 133: 213-224.

### **Determination of self-incompatibility alleles in some Iranian and foreign pear (*Pyrus communis* L.) cultivars using PCR**

Maryam Bagheri<sup>1</sup>, Ahmad Ershadi<sup>1</sup>, Abdolrahman Mohamadkhani<sup>2</sup>

- 1- Ph.D. student and Assistant Professor of Horticultural Sciences, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University, Hamedan, Iran  
 2- Assistant Professor of Horticultural Sciences, Faculty of Agriculture, Shahrekord University, Shahrekord, Iran

#### **Abstract:**

Gametophytic self-incompatibility, a natural mechanism occurring in pear and other Rosaceae family fruit-tree species, is controlled by the S-locus with allelic variants. In the present study the S-alleles of some European pear (*Pyrus communis* L.) cultivars were determined using specific and consensus primers. On the basis of the estimated lengths and sequence alignment of PCR products obtained using consensus primers two probably new alleles were detected in 'Domkaj' and 'Kaftarbache' cultivars, which provisionally labelled  $S_x$  and  $S_y$ . In conclusion for seven cultivars both alleles [Doshes ( $S_4S_7$ ), Koshia ( $S_4S_8$ ), Paskolmar ( $S_1S_5$ ), Domkaj ( $S_4S_x$ ), Ghousi ( $S_4S_7$ ), Kaftarbache ( $S_4S_y$ ) and Laleh ( $S_5S_8$ )] and Pighambari cultivar only one allele ( $S_5$ ) were identified. Results obtained in this study showed that PCR technique provides an efficient and rapid method to monitor the genotype performance of pear cultivars.

**Key Words:** allel, S- genotype, pear