

## بررسی ژنوتیپ خودناسازگاری در برخی درختان میوه ایران با استفاده از روش های مولکولی

احمد ارشادی (۱)، مهدی کلهری (۲) و علیرضا طلایی (۳)

۱- استادیار، ۲- دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا همدان،

۳- استاد گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

### چکیده

در مطالعه حاضر ژنوتیپ ناسازگاری ۳۲ رقم سیب، ۲۲ رقم گیلاس، ۱۶ رقم بادام و ۳ رقم گلابی ایرانی با استفاده از روش های مولکولی تعیین گردید. با استفاده از ایزوآنزیم ریبونوکلئازهای خامه گل و تکثیر اختصاصی آلل ها به روش پی سی آر در ۳۲ رقم سیب ایرانی ۱۵ آلل خودناسازگاری شناسایی شد. تعیین توالی محصول پی سی آر مشخص نمود که آلل های  $S_{22}$ ،  $S_{23}$  و  $S_{27}$  در واقع یک آلل مشابه با نام های مختلف هستند. در ۲۲ رقم گیلاس ایرانی، به طور کلی ۷ آلل ناسازگاری شناسایی گردید. آلل های  $S_3$  و  $S_4$  دارای بیشترین فراوانی بوده و به ترتیب در ۱۴ و ۱۲ رقم تکثیر و شناسایی گردیدند. از مجموع ارقام گیلاس ایرانی مورد بررسی نه رقم دارای ژنوتیپ  $S_3S_4$  بوده و با هم دگرناسازگارند. در ۱۶ رقم بادام ایرانی مورد بررسی ۱۴ آلل ناسازگاری شناسایی گردید. آلل های  $S_2$ ،  $S_7$  و  $S_{11}$  دارای بیشترین فراوانی بوده و هر کدام در ۴ رقم شناسایی گردیدند. دو آلل جدید نیز در ارقام بادام ایرانی شناسایی و موقتاً نامگذاری شدند. در ۲ رقم گلابی ایرانی، دو آلل و در یک رقم تنها یک آلل ناسازگاری شناسایی شد. شناسایی ژنوتیپ ناسازگاری ارقام برای انتخاب گرده زای دگرسازگار مناسب، ضروری می باشد.

### مقدمه

برخی درختان میوه خانواده گلسرخیان دارای خودناسازگاری گامتوفیتیک هستند که توسط یک مکان ژنی با چندین فرم آللی کنترل می شود. برای به دست آوردن حداکثر باردهی در باغ های احداث شده با ارقام ناسازگار باید حداقل دو رقم دگرسازگار با همپوشانی گلدهی مناسب در کنار هم کاشته شوند.

### مواد و روش ها

ارقام مورد بررسی شامل ۳۲ رقم سیب، ۲۲ رقم گیلاس، ۱۶ رقم بادام و ۳ رقم گلابی ایرانی بود. استخراج دی ان ای به روش دوپیل و دوپیل (۱۹۸۷) انجام شد. تکثیر آلل ها با استفاده از آغازگرهای اختصاصی و عمومی و به روش پی سی آر انجام گرفت. ژنوتیپ ناسازگاری ارقام سیب با استفاده از ایزوآنزیم ریبونوکلئازهای خامه گل نیز مورد بررسی قرار گرفت.

### نتایج و بحث

با استفاده از ایزوآنزیم ریبونوکلئازهای خامه گل و تکثیر اختصاصی آلل‌ها به روش پی‌سی‌آر در ۳۲ رقم سیب ایرانی مجموعاً ۱۵ باند شناسایی شد که یازده باند مربوط به آلل‌های قبلاً شناسایی شده و چهار باند احتمالاً مربوط به آلل‌های جدید می‌باشد (ارشادی، ۱۳۸۱). همچنین براساس تعیین توالی محصول پی‌سی‌آر مشخص گردید که آلل‌های  $S_{22}$ ،  $S_{23}$  و  $S_{27}$  در واقع یک آلل مشابه با نام‌های مختلف هستند. ژنوتیپ ناسازگاری ارقام گیلاس، بادام و گلابی با استفاده از آغازگرهای اختصاصی و عمومی و به روش پی‌سی‌آر شناسایی گردید. در ۲۲ رقم گیلاس ایرانی، به‌طور کلی ۷ آلل ناسازگاری شناسایی گردید. آلل‌های  $S_3$  و  $S_4$  دارای بیشترین فراوانی بوده و به ترتیب در ۱۴ و ۱۲ رقم تکثیر و شناسایی گردیدند. نه رقم گیلاس ایرانی دارای ژنوتیپ  $S_3S_4$  بوده و با هم دگرناسازگار هستند. نتایج به‌دست آمده بر باریک بودن اساس ژنتیکی ارقام تجاری گیلاس ایران دلالت دارد. در ۱۶ رقم بادام ایرانی، به‌طور کلی ۱۴ آلل ناسازگاری شناسایی گردید. آلل‌های  $S_2$ ،  $S_7$  و  $S_{11}$  دارای بیشترین فراوانی بوده و هر کدام در ۴ رقم شناسایی گردیدند. دو آلل جدید نیز در ارقام بادام ایرانی شناسایی و موقتاً نامگذاری شدند (ولیزاده و ارشادی، ۲۰۰۹). همچنین در دو رقم گلابی ایرانی سه فصله و سبری، دو آلل و در رقم شاه میوه اصفهان تنها یک آلل ناسازگاری تکثیر و شناسایی شد. شناسایی آلل‌های ناسازگاری جهت شناسایی ارقام مناسب برای کاشت توأم به منظور افزایش عملکرد باغات تجاری و همچنین در کارهای اصلاحی به منظور اطمینان از تلاقی‌های کنترل شده ضروری می‌باشد.

#### منابع

ارشادی، احمد (۱۳۸۱). بررسی گرده‌افشانی و تشکیل میوه و ارزیابی ارقام سیب ایرانی با استفاده از نشانگرهای مولکولی. رساله دکتری دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران.

Valizadeh, B. and Ershadi, A. (2009). Identification of self-incompatibility alleles in Iranian almond cultivars by PCR using consensus and allele specific primers. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 84: 132-138.

#### Study the self-incompatibility genotype of some Iranian fruit trees using molecular methods

##### Abstract

In this study, the self-incompatibility genotype of 32 Iranian apple cultivars, 22 Iranian sweet cherry cultivars, 16 Iranian almond cultivars and 3 Iranian pear cultivars were determined using molecular methods. Self-incompatibility genotypes of Iranian apple cultivars were studied by stylar ribonuclease isoenzymes and allele-specific PCR amplification and 15 S-alleles were identified. Sequence analysis of PCR products showed that  $S_{22}$ ,  $S_{23}$  and  $S_{27}$  are the same allele with different designation. In 22 Iranian sweet cherry cultivars, seven S-alleles were identified.  $S_3$  and  $S_4$  were the most frequent S-alleles as each was found in 14 and 12 cultivars, respectively. Nine sweet cherry cultivars had  $S_3S_4$  genotype and are cross-incompatible. In 16 Iranian almond cultivars, 14 S-alleles were identified.  $S_2$ ,  $S_7$  and  $S_{11}$  were the most frequent S-alleles as each was found in 4 Iranian cultivars. Also, two new S-alleles were identified and provisionally designated. In two Iranian pear cultivars two S-alleles and in one cultivar, only one S-allele were identified. When selecting the compatible pollinizers, it is necessary to identify the S-genotype of fruit trees.