ژنتیک نوین
دوره نهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۳
صفحه ۲۲۸-۲۱۹

بررسی تنوع ژنتیکی ارقام بومی و غیر بومی انگور کلکسیون ژرم‌پلاسم سیستان با استفاده از نشانگر REMAP

Investigating the genetic variation in the collection germplasm Sistan grapevine native and non-native cultivars using REMAP marker

سمیه خون‌رز*[۱]، براتعلی سیاه‌سر[۱]، مسیح فروتن[۱]

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی‌ارشد، استادیاران اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران

Khunraz S*[1], Siyahsar BA[2], Forootan M[3]

1. MSc Student, Assistant Professors, Zabol University, Zabol, Iran.

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: s.khunraz@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹۱/۱۱/۱- تاریخ پذیرش: ۹۲/۶/۵)

چکیده

هدف این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی ارقام انگور بومی و غیربومی موجود در سیستان با استفاده از نشانگرهای REMAP می‌باشد. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ارقام انگور بومی و غیربومی مربوط به ایستگاه تحقیقاتی زهک در سیستان، ۳۳ رقم انگور (*Vitis vinifera* L.) موجود در این ایستگاه توسط ۷ ترکیب آغازگری REMAP حاصل از ترکیب آغازگرهای ISSR و آغازگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون از خانواده *Ty1*-copia و *Ty3*-gypsy مورد ارزیابی قرار گرفتند. میزان چندشکلی مشاهده شده در هر کدام از نشانگرهای MS1/Gret1 Ra و MS5/Gret1Rb هم در ارقام بومی و هم غیربومی به ترتیب ۸۰ و ۷۵ درصد بود. نتایج حاصل این احتمال را تقویت می‌کند که رتروترانسپوزون Gert1 در فرایند تکامل گیاهان مورد تحقیق بیشتر جابجا شده و تعداد نسخه‌های بیشتری را داخل ژنوم تکثیر کرده است. دندروگرام بر اساس الگوریتم UPGMA و ضریب تشابه جاکارد ترسیم شد. ارقام مورد مطالعه در ضریب تشابه (۰/۴۴) به یک گروه بزرگ با ۱۲ زیر گروه و یک گروه کوچک با یک رقم تقسیم شدند. نتایج بدست آمده از تجزیه به مختصات اصلی نشان داد که ۶ مختصه اول در مجموع ۵۰/۴۴ درصد از کل تغییرات را توجیه می‌کند.

واژه‌های کلیدی

انگور

تنوع

رتروترانسپوزون

REMAP

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]

مقدمه

انگور گیاهی چوبی، دائمی و کم و بیش سازگار با مناطق مختلف آب و هوایی (Commbe 1992) دارای تنوع ژنتیکی بالا در بین ارقام و زیرگونه‌های وحشی و هیبرید است (D'Onofrio et al. 2010). از ۶۰۰۰ رقم انگور ثبت شده در دنیا فقط ۴۰۰ رقم از ارزش اقتصادی برخوردار بوده و بقیه در باغ‌های کلکسیون نگهداری می‌شوند. شناخت دقیق و قابل اطمینان ارقام در مدیریت صحیح ژرم‌پلاسم، گواهی نهال توسط خزانه‌داران، ایجاد باغ‌های یک‌دست و انتخاب والدین برای تلاقی‌های کنترل شده از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Dettweiler and Eibach 2003). شناسایی ارقام انگور معمولا بر اساس مشخصات تاک‌نگاری گیاه بالغ صورت می‌گیرد که تحت‌تاثیر محیط قرار دارد. روش قابل اعتماد و جایگزین این روش عبارتست از نشانگرهای مولکولی که در تعیین تنوع و روابط ژنتیکی گیاهان باغی استفاده می‌شوند (Ghobadi et al. 2008). تنوع ژنتکی، قابلیت بقای یک گونه و یا جمعیت را از طریق ایجاد توانایی سازگاری با تغییرات محیطی فراهم می‌کند بنابراین، تنوع ژنتیکی برای بقای طولانی مدت یک گونه ضروری است (Bataillon et al. 1996). نشانگرهای مولکولی به طور مستقیم قادرند پراکندگی و تنوع ژنتیکی را تشخیص دهند (Ferguson et al. 1995). تعیین سطح تنوع ژنتیکی و حفظ آن در یک گونه گیاهی علاوه بر حفاظت گیاهی، در برنامه‌های به نژادی نیز حائز اهمیت است (Martinez et al. 2006). حذف تنوع ژنتیکی در توده‌های بومی و تولید ارقام یکنواخت، آینده را به خطر می‌اندازد (Ghasemi 1999). یکی از دغدغه‌های مهم جوامع گیاهی حفظ تنوع زیستی موجود می‌باشد (Hodgkin and Ramanata Roa 2002; Naghavi et al. 2005). نشانگرهای مولکولی می‌توانند اطلاعاتی در مورد اهمیت خصوصیات تنوع، نظیر جریان ژنی و الگوی اصلی یک جمعیت، در اختیار محقق قرار داده (Hodgkin and Ramanata Roa 2002) و پراکندگی و تنوع ژنتیکی را تشخیص دهند (Ferguson et al. 1995). عناصر متحرک در واقع قطعاتی از ژنوم موجود زنده می‌باشند که قادرند در ژنوم میزبان جابجا شوند. این عناصر به دو دسته تقسیم می‌شوند ۱- عناصری که مستقیما به صورت DNA قابل انتقال می‌باشند. ۲- عناصری که بواسطه یک RNA حد واسط منتقل می‌شوند، و رتروترانسپوزون نامیده می‌شوند (Flavell et al. 1992; Rashidi monfared et al. 2009) که به عنوان عناصر جابجا شونده بخش بزرگی از هسته ژنوم گیاهان را تشکیل می‌دهند (Jianxin et al. 2004). این عناصر نیز به دو گروه تقسیم می‌شوند: عناصر با دو انتهای تکراری طولانی (LTR[1]) و عناصر بدون انتهای تکراری طولانی (Shimamura et al. 1997). رتروترانسپوزون‌های بدون LTR به دو دسته LINES[2] و SINES[3] تقسیم می‌شوند (D'Onofrio et al. 2010). رتروترانسپوزون‌های LTR دار نیز به دو گروه *Ty1*-copia و *Ty3*-gypsy طبقه‌بندی می‌شوند (Boeke and Corces 1989). الحاق رتروترانسپوزون‌ها یک حادثه بیولوژیکی است یعنی رتروترانسپوزون‌ها در گیاهان مختلف تحت تاثیر تنش‌های زنده و غیر زنده فعال شده و در ژنوم جابجا می‌شوند (Grandbastien 1998) و به این روش تولید موتاسیون‌های ژنومی می‌کنند و میزان بیان ژن‌های اطراف ناحیه الحاق را تحت تاثیر قرار می‌دهند به همین دلیل نقش بسیار مهمی را در تکامل ایفا کرده‌اند (Shapiro 1999). الحاق رتروترانسپوزون‌ها غیر قابل برگشت بوده به‌طوری‌که حضور یک رتروترانسپوزون در یک ناحیه خاص از ژنوم حاصل یک حادثه بیولوژیکی محسوب شده که در طول تاریخ تکاملی گیاه روی داده است (Shapiro 1999). از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون در انگور به منظور دستیابی به نتایج مختلفی استفاده شده است که می‌توان به تعیین چندشکلی توالی ویژه بر مبنای رتروترانسپوزون‌های vine1 در ارقام *Vitis vinifera* (Labra et al. 2004)، تجزیه و تحلیل ژنومی رتروترانسپوزون Gret1 در ارقام *Vitis vinifera* (Pereira et al. 2005)، شناسایی ده *ty1* جدید از رتروترانسپوزون‌های خانواده copia-like در ژنوم ارقام انگور (Moisy et al. 2008)، تکثیر ژنومی رتروترانسپوزون Gret1 در انگورهای سفید وحشی و زیرگونه‌های هیبرید (Cadle-Davidson and Owens 2008)، شناسایی ارقام و گونه‌های انگور بر اساس نشانگرهای مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون (D'Onofrio et al. 2010)، شناسایی چندشکلی کلون‌های قدیمی

[1] Long terminal repeat
[2] Long interspersed element
[3] Short interspersed elements

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]

Tempranillo (*Vitis vinifera*) با استفاده از نشانگرهای مولکولی ریزماهواره و رتروترانسپوزون (Carcamo et al. 2010)، کارایی نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون و AFLP در شناسایی کلون‌های ارقام انگور پرتغال (Castro et al. 2011)، بررسی تنوع ژنتیکی ارقام انگور نگهداری شده در کلکسیون ژرم‌پلاسم سیستان با استفاده از نشانگر IRAP (khunraz et al. 2013) اشاره کرد. همچنین از دیگر تحقیقات انجام شده بر روی انگور می‌توان به استفاده از نشانگرهای RAPD (Rigi Nezhad et al. 2004; Ghobadi et al. 2008)، RAPD و ISSR (Herrera et al. 2002)، ریزماهواره (Najafi et al. 2006; Behruz et al. 2010)، AFLP (Cervera et al. 1998; Fanizza et al. 2003) اشاره کرد. این تحقیق با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی بین ارقام انگور بومی و غیربومی کشت شده در منطقه سیستان با استفاده از نشانگرهای REMAP انجام شده است.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و استخراج DNA

در این پژوهش ۳۳ ژنوتیپ انگور گونه *Vitis vinifera* از کلکسیون مرکز تحقیقات کشاورزی زهک مورد استفاده قرار گرفت (جدول۱). در اواسط بهار سال ۱۳۹۱ از ارقام مورد مطالعه ۶-۵ برگ جوان نزدیک به انتهای شاخه انتخاب و تا زمان استفاده در یخچال ۷۰°C- نگهداری شدند. استخراج DNA نمونه‌های گیاهی با استفاده از کیت استخراج گیاهی RON`s (شرکت BIORON) صورت گرفت. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از ژل آگارز یک درصد و روش اسپکتروفتومتری انجام شد.

واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز برای هر نمونه DNA استخراجی ارقام مورد مطالعه با استفاده از ۷ ترکیب آغازگری REMAP صورت گرفت (جدول۲). آغازگرهای رتروترانسپوزونی و ISSR مورد استفاده گزارش شده توسط D'Onofri et al. (2010) به صورت تصادفی با هم ترکیب شدند (جدول۲). اجزا واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم نهایی ۲۵ µl شامل ۱۲/۵ Master mix، ۰/۵ Mm منیزیم کلرید، ۷۰ ng DNA و ۰/۵ mM از هر آغازگر با هم مخلوط شدند. واکنش PCR در دستگاه ترموسایکلر T Gradiant Biometra مدل RS 232 انجام شد. چرخه حرارتی مورد استفاده شامل یک مرحله واسرشته‌سازی اولیه در ۹۴°C به مدت دو دقیقه، مرحله دوم شامل ۳۵ چرخه هر چرخه شامل واسرشته‌سازی در ۹۴°C به مدت ۳۰ ثانیه، مرحله اتصال آغازگرها به رشته الگو ۵۵°C به مدت ۳۰ ثانیه، بسط اولیه در ۷۲°C به مدت دو دقیقه و بسط نهایی بعد از اتمام ۳۵ چرخه در ۷۲°C به مدت ۱۰ دقیقه بود پس از آن نمونه‌ها تا زمان بارگذاری روی ژل در دمای ۲۰°C- نگهداری شدند.

پس از انجام واکنش PCR، محصول واکنش بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد بارگذاری و در بافر TAE ,1X الکتروفوروز و با استفاده از محلول اتیدیوم بروماید رنگ‌آمیزی شد. وجود و عدم وجود باند در الگوی باندی با اعداد یک و صفر کدگذاری شد. داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار NTSYS 2.0 تجزیه شد. سه ضریب تشابه ساده، دایس، جاکارد محاسبه و دندروگرام با استفاده از الگوریتم خوشه‌ای UPGMA با استفاده از ضریب تشابه جاکارد به دلیل بالاترین ضریب کوفنتیک با استفاده از نرم‌افزار NTSYS 2.0 ترسیم شد. برای مشاهده و توصیف بهتر روابط ژنتیکی میان ارقام مختلف انگور تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) روی ماتریس تشابه صورت گرفت.

نتایج و بحث

در مجموع واکنش‌های انجام شده با استفاده از ۷ ترکیب آغازگری REMAP ۷۰ باند امتیازدهی شد (جدول۳) که ۲۱ باند آن تک شکل و ۴۹ باند آن چند شکل بود. تعداد باندهای چند شکل آن از ۴ تا ۸ باند در هر ژل متغیر بود (شکل۱).

بیشترین درصد چند شکلی در ارقام بومی منطقه زابل مربوط به آغازگر MS1/Gret1 Ra و در ارقام غیر بومی مربوط به آغازگرهای MS1/Gret1 Ra و MS1/Vine1 Fb با ۸ باند، کمترین درصد چندشکلی در ارقام بومی مربوط به آغازگر MS1/Vine1 Fb و در ارقام غیر بومی مربوط به آغازگر MS5/Gret1 Fb با تعداد ۴ باند بود. میانگین تعداد باندهای چند شکل ارقام بومی مورد مطالعه ۵/۸۵ و در ارقام غیر بومی ۶/۵۷، درصد چند شکلی

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]

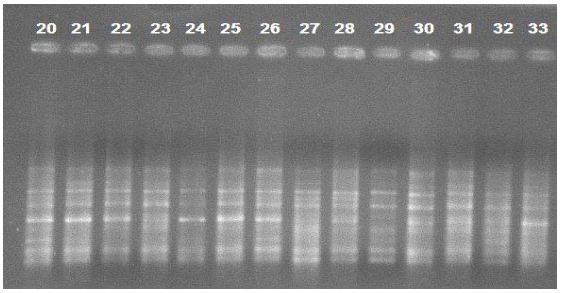
جدول ۱- اسامی ارقام انگور و منشا جغرافیایی

شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	منشا جغرافیایی	شماره ژنوتیپ	نام ژنوتیپ	منشا جغرافیایی
(A)۱	مولایی شهریار	شهریار	(R)۱۸	شصت عروس	زابل
(B)۲	عسکری سفید ورامین	ورامین	(S)۱۹	کاردینال	نامشخص
(C)۳	بی‌دانه قرمز قزوین	قزوین	(T)۲۰	شاهانی قزوین	قزوین
(D)۴	خلیلی سفید فردوس	فردوس	(U)۲۱	سنگک	زابل
(E)۵	شاهانی قصر شیرین	قصر شیرین	(V)۲۲	بی‌دانه سفید قزوین	قزوین
(F)۶	عسکری سفید شیراز	شیراز	(W)۲۳	بی‌دانه زابل	زابل
(G)۷	خلیلی ورامین	ورامین	(X)۲۴	کشمشکی	زابل
(H)۸	آبک امامیه	زابل	(Y)۲۵	خلیلی سفید قزوین	قزوین
(I)۹	امیری زابل	زابل	(Z)۲۶	مایه میش	زابل
(J)۱۰	فخری	زابل	(AB)۲۷	یاقوتی قرمز قصر شیرین	قصر شیرین
(K)۱۱	یاقوتی قرمز ورامین	ورامین	(AC)۲۸	یاقوتی قرمز قزوین	قزوین
(L)۱۲	تخم تهرانی	تهران	(AD)۲۹	یاقوتی سفید زابل	زابل
(M)۱۳	پرلت	امریکا	(AE)۳۰	یاقوتی قرمز زابل	زابل
(N)۱۴	یاقوتی سیاه شیراز	شیراز	(AF)۳۱	خلیلی بی‌دانه رضوان	زابل
(O)۱۵	سیاه بیرجند	بیرجند	(AG)۳۲	چشم گاوی	زابل
(P)۱۶	سفید دانه	زابل	(AH)۳۳	صاحبی	زابل
(Q)۱۷	لعل	زابل			

جدول ۲- آغازگرهای طراحی شده با استفاده از توالی رتروترانسپوزون Gret1 و Vine-1 رتروترانسپوزون های انگور و ISSR

نام آغازگر	توالی آغازگر (5'→3')
MS1/Vine1 Fa	TCCTCCTCCTCCTCCTCCA & TTCAGCACTCTTCATCAATAAA
MS1/Vine1 Fb	TCCTCCTCCTCCTCCTCCA & GCTTGATTTTCTGTCATTCTAA
MS1/Vine1 Rb	TCCTCCTCCTCCTCCTCCA & GAAACCAAATCTTGACCAAA
MS1/Gret1 Ra	TCCTCCTCCTCCTCCTCCA & CTTAAGGGAATCCGGATGAT
MS5/Gret1 Fb	GAGAGAGAGAGAGAGAGAC & GGTAAAAGGCCAACT(AG)ATTTAT
MS5/Gret1Rb	GAGAGAGAGAGAGAGAGAC & TATGAAGGTTGTCCGGATGT
MS6/Gret1 Fa	TCTCTCTCTCTCTCTCTCG & (AG)TGCGTCC(AG)GACACCCTGT

شکل۱- نمونه ژل حاصل از آغازگر ترکیبی MS1 / Vine1 Fb بر روی ارقام انگور (نام‌گذاری چاهک‌ها بر اساس شماره ژنوتیپ‌ها در جدول۱).



ارقام بومی بین ۳۶/۳۶ درصد (MS1/Vine1 Fb) تا ۸۰ درصد (MS5/Gret1 Fb) و ارقام غیر بومی بین ۴۴/۴۴ درصد (MS5/Gret1 Fb) تا ۸۰ درصد (MS1/Gret1 Ra) متغیر بود (جدول۳). میانگین تعداد باندهای چند شکل در آغازگرهای REMAP ۷ و در آغازگرهای رتروترانسپوزونی IRAP استفاده شده بر روی همین ارقام ۵/۵ درصد بود (Khunraz et al. 2013) این نتایج نشان می‌دهد که میزان چند شکلی این آغازگر با وجود تعداد آغازگر کمتر بیشتر از آغازگرهای IRAP است. از نشانگرهای مورد مطالعه در این تحقیق نشانگرهای MS5/Gret1Rb و MS1/Gret1Ra بیشترین چند شکلی را (۷۵ و

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]

۸۰) نسبت به سایر نشانگرها نشان داده‌اند (جدول۳). از آنجا که این آغازگر، IRAP ترکیب شده با آغازگر ISSR، Gret1 بوده لذا به نظر می‌رسد که رتروترانسپوزون‌های Gret1 در فرایند تکامل گیاهان مورد تحقیق بیشتر جابجا شده‌اند و تعداد نسخه‌های بیشتری را داخل ژنوم تکثیر کرده‌اند. همچنین این نشانگرها از گروه رتروترانسپوزون‌های *Ty3*-gypsy هستند لذا نتایج این تحقیق این احتمال را تقویت می‌کند که رتروترانسپوزون‌های گروه *Ty3*-gypsy بیشتر از رتروترانسپوزون‌های گروه *Ty1*-copia در گیاه تکثیر و در طی تکامل این گیاه بیشتر جابجا شده‌اند. این نتایج نشان می‌دهد که رتروترانسپوزون‌های *Ty3*-gypsy سطح متفاوتی از چند شکلی را در انگور نشان می‌دهند. نتایج مطالعه Khunraz (2013) نیز نشان داد که رتروترانسپوزون‌های *Ty3*-gypsy بیشتر از رتروترانسپوزون‌های گروه *Ty1*-copia در جنس انگور گسترده‌اند. وقوع و تکرار رتروترانسپوزون‌های Gret1, Vine-1, Tvv1 در ارقام انگور مورد تحقیق D'Onofrio (2010) نشان داد که رتروترانسپوزون‌های copia-like و gypsy-like در جنس انگور گسترده‌اند. این نتایج نشان می‌دهد که این رتروترانسپوزون‌ها قبلا در انگورهای خاصی فعال بوده و همچنین در تکامل ارقام انگور نیز شرکت داشته‌اند. وجود و گستردگی عناصر رتروترانسپوزونی در سراسر ژنوم انگور بوسیله Pelsy (2007) برای توالی رتروتروترانسپوزونی LTR، Tvv1 نیز گزارش شده است. نمودار خوشه‌ای بر اساس ۴۹ باند به منظور بررسی و ارزیابی تنوع ژنتیکی چند شکلی ترسیم شد (شکل۲). سه ضریب تطابق ساده، دایس و جاکارد محاسبه و مقایسه شد (جدول۴). نتایج نشان داد که ضریب تشابه جاکارد با ضریب کوفنتیک ۰/۸۳ درصد بهترین برآورد شباهت را برای گروه‌بندی ارقام در این آزمایش دارد.

در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از این آغازگرها دامنه تشابه براساس روش جاکارد بین ۰/۹۲-۰/۴۴ درصد بود که بیشترین میزان تشابه بدست آمده بین ارقام یاقوتی سفید زابل و خلیلی بی‌دانه رضوان با ضریب تشابه ۰/۹۰ و کمترین میزان تشابه بدست آمده بین ارقام خلیلی سفید فردوس و کاردینال با ضریب تشابه ۰/۴۴ برآورد شد. اختلاف زیاد بین ارقام خلیلی سفید فردوس و کاردینال نشان از فاصله ژنتیکی زیاد بین این دو رقم دارد و همچنین ناشی از تفاوت منشا جغرافیایی این دو رقم است اما شباهت زیاد بین ارقام یاقوتی سفید زابل و خلیلی بی‌دانه رضوان با توجه به اختلافات مورفولوژیکی و فنوتیپی این دو رقم حاکی از این است که احتمالا این ارقام تحت تاثیر شرایط محیطی (تنش‌های غیرزنده) یکسانی قرار گرفته‌اند و عناصر متحرک به میزان تقریبا یکسانی در آن‌ها بیان شده است. ارقام مورد مطالعه در ضریب تشابه ۰/۴۴ به دو گروه تقسیم می‌شوند که گروه اول شامل رقم کاردینال و گروه دوم شامل ۳۲ رقم باقیمانده است، که در ضریب تشابه ۰/۵۵ به ۱۲ زیر گروه تقسیم شد. آغازگرهای IRAP نیز این ارقام را به دو گروه کلی و ۱۰ زیر گروه تقسیم کردند (Khunraz et al. 2013). زیر گروه اول شامل ارقام: مولایی شهریار، عسکری سفید ورامین، بی‌دانه قرمز قزوین، خلیلی سفید فردوس، زیرگونه دوم شامل ارقام شاهانی قصر شیرین، تخم تهرانی، بی‌دانه سفید قزوین، یاقوتی قرمز قصر شیرین، صاحبی، زیر گروه سوم شامل رقم بی‌دانه زابل، زیر گروه چهارم شامل ارقام مایه میش، یاقوتی قرمز زابل، چشم گاوی، یاقوتی سفید زابل، خلیلی بی‌دانه رضوان، زیر گروه پنجم شامل رقم فخری، زیرگروه ششم شامل ارقام یاقوتی قرمز ورامین، خلیلی سفید قزوین زیر گروه هفتم شامل ارقام خلیلی ورامین، آبک امامیه، امیری زابل، پرلت، سیاه بیرجند، لعل، یاقوتی سیاه شیراز، زیر گروه هشتم شامل رقم یاقوتی قرمز قزوین، زیر گروه نهم شامل رقم عسکری سفید شیراز زیرگروه دهم شامل رقم شصت عروس زیر گروه یازدهم شامل ارقام سفید دانه، شاهانی قزوین زیر گروه دوازدهم شامل ارقام سنگک و کشمشکی بود. از ۳۳ رقم انگور استفاده شده در این تحقیق ۱۵ رقم بومی منطقه سیستان و ۱۸ رقم غیر بومی منطقه سیستان بودند که پانزده رقم بومی در ۸ زیر گروه مختلف همراه با بعضی از ارقام غیر بومی یا به تنهایی گروه بندی شدند. ارقام گروه سوم، چهارم، پنجم، دهم و دوازدهم همه از ارقام بومی بودند که شامل ده رقم از ۱۵ رقم بومی بود و ارقام گروه اول، ششم، هشتم و نهم همه از ارقام غیر بومی بودند که ۸ رقم از ارقام غیر بومی را شامی شدند. ۱۰ رقم باقیمانده از ارقام غیر بومی همراه با ۵ رقم بومی در گروهای دوم ، هفتم و یازدهم قرار گرفتند.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]

جدول۳- متوسط چند شکلی نشانگرهای REMAP در ژنوتیپ‌های انگور مورد مطالعه

شماره	نام آغازگر	تعداد کل باندها	تعداد باندهای چند شکل		درصد چندشکلی	
			بومی	غیر بومی	بومی	غیر بومی
۱	MS1 / Vine1 Fb	۱۱	۴	۸	۳۶/۳۶	۷۲/۷۲
۲	MS1 / Vine1 Rb	۱۱	۶	۷	۵۴/۵۴	۶۳/۶۳
۳	MS1 / Vine1 F a	۱۲	۶	۷	۵۰/۰۰	۵۸/۳۳
۴	MS1 / Gret1 Ra	۱۰	۸	۸	۸۰/۰۰	۸۰/۰۰
۵	Ms5 / Gret1 F b	۹	۵	۴	۵۵/۵۵	۴۴/۴۴
۶	Ms5 / Gret1R b	۸	۶	۶	۷۵/۰۰	۷۵/۰۰
۷	Ms6 / Gret1 F a	۹	۶	۶	۶۶/۶۶	۶۶/۶۶
مجموع		۷۰	۴۱	۴۶		

جدول ۴- ماتریس تشابه بر اساس روش جاکارد نامگذاری بر اساس جدول ۱

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
A	۱	۰/۷۶۳	۰/۶۹۹	۰/۶۴	۰/۶۱۹	۰/۵۷۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹
B	۰/۷۶۳	۱	۰/۶۹۹	۰/۶۴	۰/۶۱۹	۰/۵۷۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹
C	۰/۶۹۹	۰/۶۹۹	۱	۰/۶۴	۰/۶۱۹	۰/۵۷۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹
D	۰/۶۴	۰/۶۴	۰/۶۴	۱	۰/۶۱۹	۰/۵۷۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹
E	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۱	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
F	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۱	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹
G	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۱	۰/۸۴۰	۰/۷۴۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷
H	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۰/۸۴۰	۱	۰/۷۴۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷
I	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۰/۷۴۲	۰/۷۴۲	۱	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷
J	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۴۸	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۱	۰/۷۱۶
K	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۱۶	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۱۶	۱

	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V
L	۱	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۸۰۹
M	۰/۶۶۷	۱	۰/۷۰۱	۰/۷۲۰	۰/۵۴۷	۰/۷۲۰	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷
N	۰/۶۶۷	۰/۷۰۱	۱	۰/۷۰۱	۰/۵۴۷	۰/۷۰۱	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷
O	۰/۶۶۷	۰/۷۲۰	۰/۷۰۱	۱	۰/۵۴۷	۰/۷۸	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷
P	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۱	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴	۰/۶۱۱	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷
Q	۰/۶۶۷	۰/۷۲۰	۰/۷۰۱	۰/۷۸	۰/۵۴۷	۱	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷
R	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۴۷	۰/۵۵۷	۱	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۵۷
S	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۱	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴
T	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۶۱۱	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴	۱	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷
U	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۱	۰/۵۴۷
V	۰/۸۰۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۱

	W	X	Y	Z	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH
W	۱	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۷۶۲	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۷۶۲	۰/۷۶۲	۰/۷۶۲	۰/۷۶۲	۰/۷۵۲
X	۰/۵۴۷	۱	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]

Y	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۱	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶	۰/۶۰۸	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶
Z	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۱	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۸۱۵	۰,۸۲۹	۰/۸۱۵	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲
AB	۰/۷۵۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۷۵۲	۱	۰/۶۰۸	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۸۲۸
AC	۰/۶۰۸	۰/۵۴۷	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۱	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸
AD	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۱	۰/۸۱۵	۰/۹۰۶	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲
AE	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰,۸۲۹	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۸۱۵	۱	۰/۸۱۵	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲
AF	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۹۰۶	۰/۸۱۵	۱	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲
AG	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۸۱۵	۰/۸۱۵	۰/۸۱۵	۱	۰/۷۵۲
AH	۰/۷۵۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۷۵۲	۰/۸۲۸	۰/۶۰۸	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۱
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
L	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۸۵۱	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
M	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۰/۷۴۲	۰/۷۴۲	۰/۷۸۵	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷
N	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۰/۷۰۱	۰/۷۰۱	۰/۷۰۱	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷
O	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷
P	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷
Q	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷
R	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷	۰/۵۵۷
S	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴
T	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷
U	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷
V	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۸۰۹	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
W	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۵۲	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
X	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷
Y	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۵۲	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
Z	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۵۲	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AB	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۸۰۹	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AC	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۵۷۹	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸
AD	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۵۲	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AE	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۵۲	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AF	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۵۲	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AG	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۵۲	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AH	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۸۰۹	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V
W	۰/۷۵۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
X	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۵۹	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴	۰/۵۵۹	۰,۷۱۸	۰/۵۴۷
Y	۰/۷۵۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
Z	۰/۷۵۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
AB	۰/۸۰۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰,۸۷۵
AC	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۵۴۷	۰/۶۰۸	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۶۰۸
AD	۰/۷۵۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
AE	۰/۷۵۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]

AF	۰/۷۵۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
AG	۰/۷۵۲	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
AH	۰/۸۰۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۸۲۸

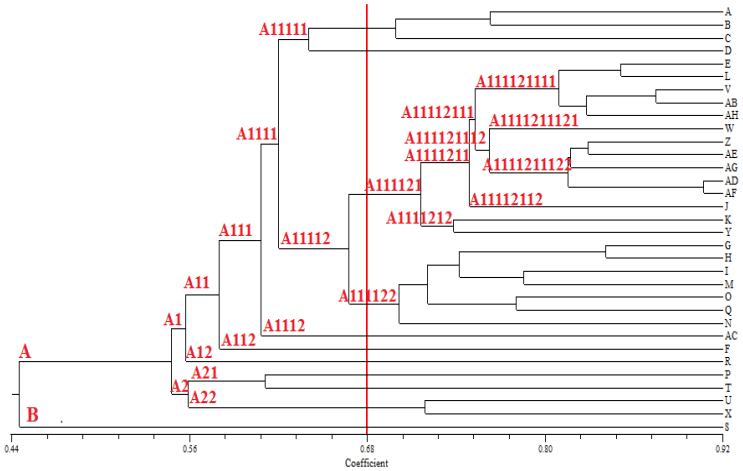
در مطالعه مبتنی بر RAPD (Rigi Nezhad et al. 2004) و SSR-PCR (Behruz et al. 2010) که بر روی ارقام انگور سیستان انجام گرفت، افراد با قرابت ژنتیکی نزدیک در یک گروه قرار گرفته‌اند اما در مطالعه حاضر چنین نبود که این نتایج با نتایج مطالعه Khunraz (2013) تطابق داشت. در نتایج مطالعه SSR بر روی ارقام انگور سیستان، نشانگرهای مبتنی بر ریزماهواره نتوانستند دو رقم یاقوتی سفید زابل و یاقوتی قرمز زابل را از هم تفکیک کنند (Behruz et al. 2010) ولی آغازگرهای REMAP این دو رقم را از هم تفکیک کردند. این نتایج با نتایج مطالعه آغازگرهای IRAP بر روی انگور سیستان نیز مطابقت دارد (Khunraz et al. 2013). همچنین ارقام یاقوتی قرمز قصرشیرین، یاقوتی سیاه شیراز در مطالعه Behruz (2010) در یک گروه قرار گرفته بودند ولی در مطالعه حاضر هر کدام از این رقم‌ها درگروه‌های مختلف قرار گرفته‌اند که این نتایج نیز با نتایج مطالعه آغازگرهای IRAP بر روی انگور سیستان نیز مطابقت دارد (Khunraz et al. 2013). از آنجا که فعالیت رتروترانسپوزون‌ها تابعی از تنش‌هاست و در اثر تنش‌هایی از جمله حمله آفات و بیماری‌ها و یا خشکسالی‌ها فعال می‌شوند (Grandbastien 1992) می‌تواند علت چنین تقسیم‌بندی باشد. در اکثر گروه‌ها افرادی که در یک گروه قرار گرفته‌اند از نظر فیلوژنتیک از هم دور هستند و ارقامی که از نظر فیلوژنتیک به هم نزدیک هستند در گروه‌های مختلف قرار گرفته‌اند. مانند ارقام یاقوتی که شش رقم یاقوتی مورد استفاده متعلق به مناطق جغرافیایی ورامین، شیراز، قزوین، زابل و قصر شیرین می‌باشند. این ارقام با وجود داشتن شباهت‌های مورفولوژیک و صفات باغبانی مشابه در پنج زیر گروه دسته بندی شدند، فقط ارقام یاقوتی سفید زابل و یاقوتی قرمز زابل در یک گروه قرار گرفتند ارقام بی‌دانه سفید قزوین و بی‌دانه قرمز قزوین با وجود داشتن یک منشا جغرافیایی و همچنین شباهت‌های مورفولوژیکی و صفات باغبانی یکسان در زیر گروه‌های متفاوتی قرار گرفته‌اند. علت چنین دسته بندی میزان متفاوت عناصر متحرک موجود در این ارقام است. رقم خارجی پرلت همراه با ارقام خلیلی ورامین، آبک امامیه، امیری زابل، سیاه بیرجند، لعل، یاقوتی سیاه شیراز در یک گروه قرار گرفت که احتمالا رقم پرلت دارای نیای مشترک با این ارقام ایرانی باشد. این نتایج نیز با مطالعه Khunraz (2013) مطابقت دارد. ولی این احتمال بسیار ضعیف است و باید با تعداد ارقام خارجی بیشتری این مقایسه انجام شود.

از آنجا که الحاقات رتروترانسپوزون‌ها یک حادثه بیولوژیکی است، (Grandbastien 1998) و الحاق رتروترانسپوزون‌ها غیر قابل برگشت است (Shapiro 1999) لذا نشانگرهای رتروترانسپوزونی داده‌های تاکسونومیکی را فراهم می‌کنند که سازگاری بیشتری با معیارهای جغرافیایی و مورفولوژیکی دارد. نتایج بدست آمده از تجزیه به مختصات اصلی (جدول ۵) نشان داد که ۶ مختصه اول در مجموع ۵۰/۴۴ درصد از کل تغییرات را توجیه کرد. سهم مختصه اول در میزان تنوع مشاهده شده ۱۲/۰۰۷ درصد بود. مختصه دوم ۱۰/۹۶۸ درصد و مختصه سوم ۸/۴۱۹ درصد از کل تغییرات را توجیه می‌کند. با توجه به این که چند مولفه اول میزان کمی از تغییرات را توجیه می‌کند و مولفه‌های زیادی توجیه‌کننده کل تغییرات هستند در نتیجه می‌توان بیان کرد که آغازگرهای مورد استفاده در این مطالعه به طور گسترده‌ای در طول ژنوم پراکنده‌اند و به طور قابل قبولی توانسته‌اند ارقام مورد مطالعه را با روش تجزیه خوشه‌ای از هم تفکیک کنند. نمودار دو بعدی حاصل از نتایج تجزیه به مختصات اصلی نیز نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای ارقام را تقریبا توجیه می‌کند. (شکل۳). تقریبا تمام ارقامی که در نمودار خوشه‌ای در یک گروه قرار گرفته‌اند در نمودار دو بعدی تجزیه به مختصات اصلی نیز نزدیک بهم قرار گرفته‌اند.

سپاسگزاری

بدین وسیله از مرکز تحقیقات انگور سیستان بدلیل در دسترس قرار دادن کلکسیون ژرم پلاسم انگور و همچنین از پژوهشکده زیست فناوری دانشگاه زابل که امکان انجام این تحقیق را فراهم کرده‌اند تشکر و قدردانی می‌شود.

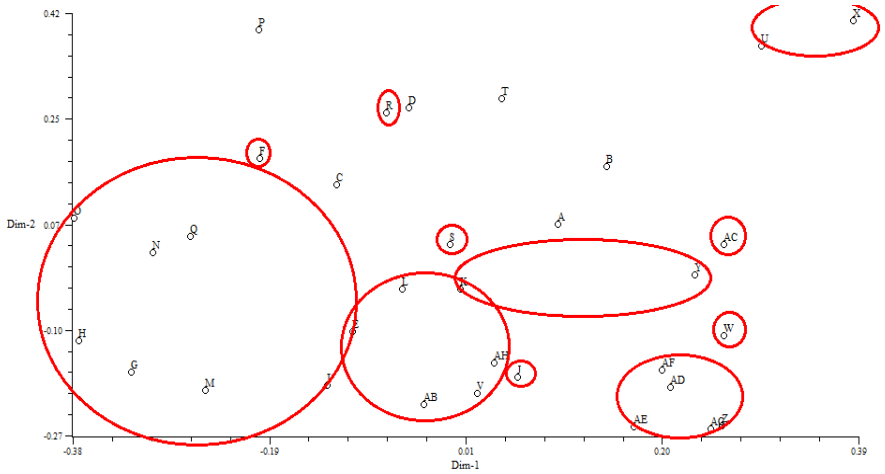
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۳۳ نمونه مورد مطالعه بر مبنای روش UPGMA براساس ضریب تشابه جاکارد

جدول ۵- مقادیر ویژه، درصد واریانس، درصد واریانس تجمعی

مختصه اصلی	مقادیر ویژه	درصد واریانس	درصد واریانس تجمعی
مختصه اول	۱/۴۳	۱۲/۰۰۷	۱۲/۰۰۷
مختصه دوم	۱/۳۱	۱۰/۹۶	۲۲/۹۷
مختصه سوم	۱/۰۰۸	۸/۴۱	۳۱/۳۹
مختصه چهارم	۰/۹۰	۷/۵۸	۳۸/۹۷
مختصه پنجم	۰/۶۹	۵/۸۳	۴۴/۸۱
مختصه ششم	۰/۶۷	۵/۶۳	۵۰/۴۴
مختصه هفتم	۰/۵۸	۴/۹۱	۵۵/۳۵



شکل ۳- نمودار دو بعدی تجزیه به مختصات اصلی ۳۳ رقم انگور نامگذاری بر اساس جدول ۱

منابع

Bataillon TM, David JL, Schoen DJ (1996) Neutral genetic markers and conservation: simulated Germplasm collections. Genetic 144:409-417.

Behruz A (2010) Investigatian of genetic diversity in Sistan grapes using microsatellite molecular markers. MSc thesis in plant breeding, Zabol University (in Persian).

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]

Boeke J, Corces VG (1989) Transcription and reverse transcription of retrotransposons. Annual Reviews in Microbiology 43:403-434.
Cadle-Davidson MM, Owens CL (2008) Genomic amplification of the Gret1 retroelement in white-fruited accessions of wild Vitis and interspecific hybrids. Theoretical and Applied Genetics 116:1079-1094.
Carcamo C, Provedo I, Arroyo-Garcia R (2010) Detection of polymorphism in ancient Tempranillo clones (*Vitis vinifera* L.) using microsatellite and retrotransposon markers. Iranian Journal of Biotechnology 8:1-23.
Cervera MT, Cabezas JA, Sancha JC, Martinez de Toda F, Martinez-Zapater JP (1998) Application of AFLPs to the characterisation of grapevine Vitis vinifera L. genetic resources. A case study with accessions from Rioja (Spain). Theoretical and Applied Genetics 97:51-59.
Commbe BG (1992) Reserarch on development and ripening of the grapeberry. American Enology Journal 43:101-110.
D'Onofrio C, De Lorenzis G, Giordani T, Natali L, Cavallini A, Scalabrelli G (2010) Retrotransposon-based molecular markers for grapevine species and cultivars identification. Tree Genetics and Genomes 6:451-466.
Dettweiler E, Eibach R (2003) The two vitis databases as tools for germplasm management of vitis international variety catalogue and European vitis database. Acta Horticulturae 603: 505-509.
Fanizza G, Chaabane R, Lamaj F, Ricciardi L (2003) AFLP analysis of genetic relationships among aromatic grapevines (*Vitis vinifera*). Theoretical and Applied Genetics 107:1043-1047.
Ferguson A, Taggart JB, Prodohl PA, McMeel O, Thompson C, Stone C, McGinnity P, Hynes RA (1995) The application of molecular markers to the study and conservation of fish populations whit special reference to Salmo. Fish Biology 47:103-126.
Flavell AJ, Dunbar E, Anderson R, Pearce SR, Hartley R, Kumar A (1992) *Ty1*-copia group retrotransposons are ubiquitous and eterogeneous in higher plants. Nucleic Acids Research 20:3639-3644.
Ghasemi K (1999) Investigation on genetic diversity in cotton genotypes by RAPD markers. MSc thesis in plant breeding, Tehran University. 16 (in Persian).
Ghobadi C, Khoshkho M, Seyed Tabatabaei BI (2008) Gentetic relatedness and variation of some grape genotypes (Vitis vinifera L.) in Isfahan province using RAPD markers. Science and Technology of Agriculture and Natural Resources 45:627-635 (in Persian).
Grandbastien MA (1992) Retroelements in higher plants. Trends in Genetics 8:103-108.
Grandbastien MA (1998) Activation of plant retrotransposons under stress conditions.Trends Plant Science 3:181-187.
Herrera R, Cares V, Wilkinson MJ, Caligari PDS (2002) Characterisation of genetic variation between Vitis vinifera cultivars from central Chile using RAPD and inter simple sequence repeat markers. Euphytica 124:139-145.
Hodgkin T, Ramanata Rao V (2002) People, plant, and DNA: perspectives on the Scientific and Technical Aspects of Conserving and Using Plant Genetic Resource. Managing Plant Genetic diversity.
Jianxin MA, Katrien MD, Bennetzen JL (2004) Analyses of LTR retrotransposon structures reveal recent and rapid genomic DNA loss in rice. Genome Research 14:860-869.
Khunraz S, Forootan M. Siyahsar BA, Kamal Addini H (2013) Investigating the genetic variation in the collection germplasm Sistan grapevine cultivars using IRAP marker. Modern genetics. (unpublished data)
Labra M, Imazio S, Grassi F, Rossoni M, Sala F (2004) Vine-1 retrotransposon-based sequence specific amplified polymorphism for *Vitis vinifera* L. genotyping. Plant Breeding 123:180-185.
Martinez LE, Cavagnaro PF, Masuelli RW, ZunigaM (2006) SSR based assessment of genetic diversity in South American *Vitis vinifera* varieties. Plant Science 170:1036-1044.
Moisy C, Garrison KE, Meredith CP, Pelsy F (2008) Characterization of ten novel *Ty1*/copia-like retrotransposon families of the grapevine genome. Genomics 9:469.
Naghavi M, Ghare yazi B, Hosaini Gh (2005) Molecular marker. Tehran University Press, Tehran, iran. (in farsi)
Najafi J, Alipanah L, Gharayazi B, Mohammadi SA, Hagh Nazari A, This P (2006) Genetic diversity of Iranian and some European grapes revealed by microsatellite markers. Iranian Journal of Biotechnology 4:36-44 (in Persian).
Pelsy F (2007) Untranslated leader region polymorphism of Tvv1, a retrotransposon family, is a novel marker useful for analyzing genetic diversity and relatedness in the genus Vitis. Theoretical and Applied Genetics116:15-27
Pereira HS, Barao A, Delgado M, Morais-Cecilio L, Viegas W (2005) Genomic analysis of Grapevine Retrotransposon 1 (Gret1) in Vitis vinifera. Theoretical and Applied Genetics 111: 871-878.
Rashidi monfared S, Hosain zade A, Naghavi Mr, Ebrahimi A (2009) Plant retrotransposons. Modern genetics Journal 1:5-15.
Rigi Nezhad N (2004) Study of polymorphism some local varietes of Sistan grape using molecular markers RAPD. MSc thesis in plant breeding, Zabol University (in Persian).
Shapiro J (1999) Transposonsable elements as the key to a 21st century viewe of evolution. Genetica 107:171-179.
Shimamura M, Yasue H, Ohshima K, Abe H, Kato H, Kishiro T, Goto M, Munechika I, Okada N (1997) Molecular evidence from retrotransposons that wales from a clade within even-toed ungulates. Nature 388:666-670.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.2.11.2]