ژنتیک نوین
دوره دهم، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۴
صفحه ۴۲۸-۴۱۷

چند شکلی ادغامی رتروترنسپوزون‌ها و تنوع ژنتیکی در ارقام زراعی و ژنوتیپ-های وحشی انگور

Retrotransposon insertional polymorphism and genetic diversity in cultivated and wild grape genotypes

معصومه فرخ نیا[۱]، بابک عبدالهی مندولکانی*[۱]، حامد دولتی بانه[۲]، ایرج برنوسی[۱]

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی‌ارشد، دانشیاران، دانشگاه ارومیه
۲- دانشیار، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان غربی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی

Farokhnia M[1], Abdollahi Mandoulakani B[*1], Dolati Baneh H[2], Bernousi I[1]

1. MSc Student, Associate professors, Urmia University
2. Associate professor, West Azarbaijan Agricultural and Natural Resources Research Center

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: b.abdollahi@urmia.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۳/۳/۲۴ - تاریخ پذیرش: ۹۳/۹/۱۸)

چکیده

به منظور مطالعه چند شکلی ادغامی خانواده‌های رتروترنسپوزونی Tvv1، Edel، Vine1، Gentil و Huben و تنوع ژنتیکی در ۶۷ رقم زراعی و ژنوتیپ‌های وحشی انگور (*Vitis vinifera* L.) از نشانگرهای IRAP و REMAP استفاده شد. در مجموع ۱۰۳ مکان با استفاده از دو آغازگر IRAP و ۱۳ ترکیب آغازگری REMAP تولید شد که از این تعداد، ۸۳ مکان (۸۰/۵۸ درصد) چندشکل بودند. مقادیر شاخص تنوع نی برای آغازگرها از صفر (آغازگرGentil-A7) تا ۰/۳۸ (آغازگر Tvv1-808) متغیر بود. میانگین شاخص تنوع نی در کل ارقام مطالعه شده ۰/۲۷ بود. دامنه ضرایب تشابه ژنتیکی دایس بین ارقام از ۰/۵۷ (رقم H6 با دسترچین) تا یک (رقم رشه اصل با سیاه معمولی) متغیر و میانگین آن ۰/۷۸ بود. بیشترین مقادیر شاخص تنوع نی، تعداد الل‌های موثر (Ne) و شاخص اطلاعاتی شانون (I) مربوط به خانواده رتروترنسپوزونی Tvv1 و به ترتیب ۰/۳۲، ۱/۵۴ و ۰/۴۷ بود که بیانگر تحرک و چند شکلی زیاد این خانواده در ارقام مطالعه شده می‌باشد. تجزیه کلاستر براساس ضریب تشابه Dice و الگوریتم UPGMA ارقام مورد مطالعه را در شش گروه اصلی قرار داد و نمونه‌های زراعی و وحشی را از هم متمایز کرد. شباهت و تمایز ارقام براساس نتایج حاصل از تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، به وسیله روش‌های مبتنی بر مدل با استفاده از نرم‌افزار Structure 2.3.1 تایید شد. نتایج نشان داد خانواده‌های رتروترنسپوزونی مورد استفاده به ویژه Tvv1 در ژنوم انگور به لحاظ انتقالی فعال بوده و می‌توان از نشانگرهای مبتنی بر این خانواده در تمایز ارقام و ژنوتیپ‌های انگور استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی

انگور
تنوع ژنتیکی
رتروترنسپوزون
IRAP
REMAP

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

مقدمه

انگور با نام علمی (*Vitis vinifera* L.) و از تیره Amplidaceae که آن را Vitaceae می‌نامند شامل هفده جنس و۷۰۰ گونه می‌باشد (Jedari kouhi et al. 2011). انگور یکی از مهمترین میوه‌هایی است که از زمان‌های بسیار قدیم مورد استفاده بشر قرار گرفته است. بر طبق نظر متخصصین، کشت و تولید انگور در ایران حداقل دو هزار سال پیش از میلاد متداول بوده‌است (Tafzili et al. 1994). در میان ارقام انگور ایرانی، فقط ارقامی با کیفیت مطلوب برای مصارف تازه‌خوری، تهیه کشمش و صنایع فرآوری نظر باغداران را به خود جلب کرده‌است و بقیه ارقام کمتر مورد کشت و کار قرارگرفته‌اند (Carreno et al. 2004). براساس آمارهای موجود تاکنون درحدود ۱۵۰۰۰-۵۰۰۰ رقم و چندین گونه مختلف انگور در سراسر دنیا شناسایی، نام‌گذاری و ارزیابی شده‌اند. ایران به عنوان یکی از مراکز پیدایش و پراکنش انگور در جهان از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردار است به‌طوری‌که در مناطق مختلف، از شمال تا جنوب و از شرق تا غرب، ارقام انگور وجود دارند (Karami 1995). بنابراین تعیین میزان تنوع ژنتیکی در انگور با روش‌های موثر و کارا علاوه بر حفاظت گیاهی، در برنامه‌های به‌نژادی نیز حائز اهمیت می‌باشد (Martinez et al. 2006).

درختچه انگور دیپلوئید بوده و سیستم تولید مثلی آن خودگشن می‌باشد. اندازه ژنوم انگور با ۳۸ کروموزوم در حدود $۴/۷۵\times۱۰^{۸}$ جفت باز است. این ژنوم ترکیبی از توالی‌های تکراری و غیر تکراری است که DNA تکراری بیش از ۹۵ درصد کل ژنوم را تشکیل می‌دهد (Grassi et al. 2002). تعیین توالی انگور نشان داد که عناصر جابه‌جا شونده حدود ۴۱/۴ درصد (Jaillon et al. 2007) و رتروترنسپوزون‌ها ۲۴-۱۷ درصد از کل ژنوم انگور را تشکیل می‌دهند (Velasco et al. 2007). رتروترنسپوزون‌ها فراوان‌ترین و گسترده‌ترین عناصر جابه‌جا شونده در ژنوم یوکاریوت‌ها هستند که از طریق یک RNA حد واسط و تولید کپی‌های cDNA جدید در ژنوم جابه‌جا می‌شوند و نسخه‌های قبلی آن‌ها در نواحی قبلی پایدار می‌مانند (Flavell et al. 1998). این عناصر ژنتیکی متحرک هم در نواحی هتروکروماتینی و هم در نواحی یوکروماتینی جابه‌جا شده و با ادغام متفاوت در نواحی مختلف باعث ایجاد چند شکلی می‌شوند. تجزیه و تحلیل توالی‌ها در گیاهان نشان داده که رتروترنسپوزون‌ها در نزدیکی توالی‌های ریزماهواره‌ای در ژنوم به وفور دیده می‌شوند (Kalendar et al. 1999). مسئله حضور فعال رتروترنسپوزون‌ها در یک ژنوم کوچک مانند انگور جالب و بحث برانگیز است چرا که رتروترنسپوزون‌ها اندازه ژنوم را افزایش می‌دهند و با ادغام در نواحی مختلف ژنومی در افراد متفاوت باعث ایجاد چندشکلی و تنوع می‌شوند و می‌توان از آنها به عنوان نشانگر ملکولی در مطالعات مختلف استفاده کرد (Ramallo et al. 2008; Abdollahi Mandoulakani et al. 2012).

برای ارزیابی تنوع ژنتیکی انگور، نشانگرهای مولکولی مختلفی مانند نشانگرهای RFLP (Bowers and Meredith 1996)، RAPD (Grando and Frisinghelli 1998)، AFLP (Cervera et al. 1998) و SSR (Martinez et al. 2006) استفاده شده است. اخیرا از نشانگرهای ملکولی مبتنی بر رتروترنسپوزون‌ها به طور گسترده‌ای در مطالعه تنوع ژنتیکی در گیاهان استفاده می‌شود (Vukich et al. 2009; Abdollahi Mandoulakani et al. 2012; Nasri et al. 2013). Pereira et al. (2005) گزارش کردند که خانواده رتروترنسپوزونی Gret1 فراوانی بالایی در ژنوم ارقام انگور دارد و حتی در نواحی یوکروماتینی نیز به وفور دیده می‌شود. هم‌چنین در این تحقیق نشان داده شد که نشانگرهای IRAP[1] و REMAP[2] مبتنی بر این رتروترنسپوزون، دارای چندشکلی ادغامی کافی برای تمایز ارقام مختلف انگور می‌باشند و می‌توانند به عنوان نشانگر ملکولی برای مطالعات مرتبط با ژنتیک گیاهی از جمله تعیین تغییرپذیری ژنتیکی و مکان‌یابی ژن‌ها در انگور استفاده شوند. D'Onofrio et al. (2010) از چندشکلی ادغامی رتروترنسپوزون‌های Vine1 و Tvv1 از گروه Copia و رتروترنسپوزون Gret1 از گروه Gypsy برای مطالعه تنوع ژنتیکی ۲۹ ژنوتیپ از گونه‌های مختلف جنس Vitis استفاده و گزارش کردند که این رتروترنسپوزون‌ها به وفور در ژنوم گونه‌های مختلف این جنس حضور داشته و در تکامل این جنس نقش عمده‌ای داشتند. هم‌چنین در این تحقیق نشانگرهای S-SAP،

[1] Inter retrotransposon amplified polymorphism
[2] Retrotransposon microsatellite amplified polymorphism

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

IRAP و REMAP مبتنی بر این رتروترنسپوزون‌ها با نشانگرهای SSR، ISSR و AFLP مقایسه و گزارش شد که نشانگرهای رتروترنسپوزونی REMAP بهتر از نشانگرهای دیگر روابط ژنتیکی بین نمونه‌های مورد مطالعه را نمایان می‌سازد. بنابراین با توجه به کارایی بالای نشانگرهای رتروترنسپوزونی و اینکه تاکنون از این نشانگرها برای مطالعه تنوع ژنتیکی در انگورهای ایرانی استفاده نشده، هدف از این تحقیق مقایسه فعالیت و چندشکلی ادغامی خانواده‌های رتروترنسپوزونی Tvv1، Vine1، Gentil، Hubben و Edel (از *V. vinifera* L.) جداسازی شدند) در ژنوم انگور و امکان استفاده از نشانگرهای IRAP و REMAP مبتنی بر این خانواده‌ها برای مطالعه تنوع ژنتیکی و روابط خویشاوندی در ۶۷ رقم زراعی و وحشی انگور کشور بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و استخراج DNA

در این تحقیق ۶۷ ژنوتیپ انگور شامل ۵۵ رقم زراعی و ۱۲ ژنوتیپ وحشی موجود در باغ کلکسیون ایستگاه تحقیقات باغبانی کهریز وابسته به مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان غربی استفاده شد (جدول ۱). برگ‌های جوان (۵-۲ سانتی‌متری) از هر رقم برداشت شده و در نیتروژن مایع منجمد و به فریزر ۸۰- درجه سانتی‌گراد منتقل شد. DNA ژنومی از برگ‌های جوان گیاهان به روش CTAB (Ausubel et al. 1995) استخراج شد. کیفیت و کمیت DNA ژنومی به وسیله دستگاه اسپکتروفتومتر و الکتروفورز ژل آگارز یک درصد تعیین شد.

واکنش‌های PCR برای نشانگرهای IRAP و REMAP

در این تحقیق از ۱۰ آغازگر IRAP و ۳۰ آغازگر REMAP استفاده شد (جدول ۲ و ۳). ابتدا آغازگرها بر روی ۶ ژنوتیپ ارزیابی و آغازگرهایی که الگوی باندی واضح و قابل اسکوردهی تولید کردند بر روی همه نمونه‌ها استفاده شدند. واکنش‌های PCR برای نشانگرهای IRAP و REAMAP در حجم ۲۰ میکرولیتری حاوی ۴۵ نانوگرم DNA ژنومی، بافر PCR یک برابر (۱۰ میلی‌مول Tris-HCl، ۵۰ میلی‌مول KCL، pH=۸/۳)، ۱/۵ میلی‌مول $MgCl_2$، ۰/۲ میکرومول از هر کدام dNTP، ۰/۵ واحد آنزیم Taq پلیمراز (شرکت سیناکلون، تهران، ایران) و ۱۰ پیکومول از هر آغازگر در دستگاه ترموسایکلر اپندروف انجام شد. الگوی دمایی واکنش‌های PCR شامل واسرشت سازی اولیه DNA در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴ دقیقه و ۳۶ چرخه به صورت واسرشت‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، اتصال در دمای ۵۰ تا ۶۳ درجه سانتی‌گراد (جدول ۳) به مدت ۴۰ ثانیه، بسط به مدت ۲ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و سرانجام بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام شد. الکتروفورز محصولات PCR در ژل آگارز ۱/۸ درصد و بافر TBE نیم برابر در ولتاژ ثابت ۷۰ ولت به مدت ۴-۳ ساعت انجام شد. برای رنگ‌آمیزی ژل‌ها از اتیدیوم بروماید استفاده شد و عکسبرداری با استفاده از نور UV با دستگاه ژل داکیومنت مدلGel logic212 pro. Carestream انجام گرفت.

تجزیه آماری داده‌ها

امتیازدهی باندهای حاصل از نشانگرهای IRAP و REMAP به صورت وجود (۱) یا عدم وجود (صفر) باند برای هر آغازگر انجام گرفت. ماتریس تشابه ژنتیکی بین افراد با استفاده از نرم‌افزار NTSYS نسخه ۲/۰۲ (Rohlf. 2000) و براساس ضریب تشابه ژنتیکی Dice تشکیل شد. برای گروه‌بندی افراد تجزیه کلاستر به روش‌های UPGMA، Minimum evolution و Neighbor joining با نرم افزار Mega4 انجام گرفت. جهت بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت و انتخاب روش مناسب گروه‌بندی از بین سه روش استفاده شده و تایید آن، از روش‌های مبتنی بر مدل در نرم‌افزار Structure 2.3.1 (Pritchard et al. 2000) در حالت No admixture با ۱۰۰۰۰ بار Burn-in و ۵۰۰۰۰ بار تکرارMCMC در مقادیر مختلف K (از ۱ تا ۲۰ و ۱۰ تکرار برای هر K) استفاده شد. عدد K بهینه براساس روش *delta* K با استفاده از نرم‌افزار Structure Harvester تعیین شد. ماتریس ضریب تعلق افراد به هر گروه نیز با استفاده از همین نرم‌افزار محاسبه شد. پارامترهای مقادیر تنوع نی، تعداد کل مکان‌ها، تعداد مکان‌های چندشکل، درصد چندشکلی، تعداد آلل‌های موثر (Ne) و شاخص اطلاعاتی شانن (I) برای آغازگرها و برای هر خانواده رتروترنسپوزونی با استفاده از نرم‌افزار GenALEx 6.4 (Peakall and Smouse 2006) محاسبه شد.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

جدول ۱- مشخصات ارقام و ژنوتیپ‌های انگور استفاده شده در این تحقیق. همه ارقام و ژنوتیپ‌های مورد مطالعه متعلق به گونه *Vinifera* می‌باشند.

کدرقم	رقم	منشاء	کد رقم	رقم	منشاء
C1	رزقی	ایران	C43	آغ شانی	ایران
C2	حسینی	ایران	C44	جیغ جیغا	ایران
C3	تبرزه سفید	ایران	C45	لعل سفید	ایران
C4	قره ملحی	ایران	C46	کلکه ریوی	ایران
C6	ات اوزوم	ایران	C47	سیاه معمولی	ایران
C7	لعل سیاه	ایران	C49	شیرازی	ایران
C8	سیاه سردشت	ایران	C50	انگوتکه	ایران
C9	گرمیان	ایران	C51	لابروسکا	آمریکا
C10	مایه مو	ایران	C53	گلین بارماقی	ایران
C11	ریش باباقرمز	ایران	C54	اکوز گوزی	ایران
C13	کشمش قرمز	ایران	C56	موسکات	آفریقا
C14	فخری	ایران	C57	خلیلی شیرازی	ایران
C15	شاهرودی	ایران	C59	رابی سیدلس	آمریکا
C17	صاحبی	ایران	C60	پرلت	آمریکا
C20	تبرزه قرمز	ایران	C62	رشه اصل	ایران
C21	دسترچین	ایران	C63	بلاک سیدلس	آمریکا
C22	ریش باباسفید	ایران	C64	فیلم سیدلس	آمریکا
C25	خلیلی سفید	ایران	C65	تامسول سیدلس	ایران
C26	گوی ملکی	ایران	C67	H6	*هیبرید بین گونه
C27	سایانی	ایران	C68	یاقوتی اصل	ایران
C28	کلاتی	ایران	C70	سوپریور	امریکا
C29	مام برایمه	ایران	C30	لعل قرمز	ایران
C30	بول مازو	ایران	C31	سفید شخ شخ	ایران
C32	قره شیره	ایران	W73	وحشی پیرانشهر۳	ایران-پیرانشهر
C33	الحقی	ایران	W74	وحشی پیرانشهر۴	ایران-پیرانشهر
C34	عسگری	ایران	W75	وحشی پیرانشهر۵	ایران-پیرانشهر
C35	بیدانه سفید	ایران	W76	وحشی پیرانشهر۶	ایران-پیرانشهر
C37	سرقوله	ایران	W77	وحشی پیرانشهر۷	ایران-پیرانشهر
C38	چاوه گا	ایران	W78	وحشی پیرانشهر۸	ایران-پیرانشهر
C39	یاقوتی	ایران	W81	وحشی سردشت۱	ایران-سردشت
C40	قره گندمه	ایران	W82	وحشی سردشت۲	ایران-سردشت
C41	گزندایی	ایران	W83	وحشی سردشت۳	ایران-سردشت
W71	وحشی پیرانشهر۱	ایران -پیرانشهر	W84	وحشی سردشت۴	ایران-سردشت

*) H6 هیبرید بین Kober Fbb و قره اوزوم

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

جدول ۲- نام و توالی آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق

نام آغازگر	نوع آغازگر	توالی آغازگر ('۳-'۵)
Vine1	رتروترنسپوزون	TTCAGCACTCTTCATCAATAA
Tvv1	رتروترنسپوزون	ATTCTTCTATCCTTGCCCGTGG
Gentil	رتروترنسپوزون	CTGTACATGACGAATGAA
Huben	رتروترنسپوزون	TTTTGCTCTCTGTGTATAT
Edel	رتروترنسپوزون	CGAACCACGTAAATACTGT
A7	ISSR	AGAGAGAGAGAGAGAGAGAGT
UBC808	ISSR	AGAGAGAGAGAGAGAGC
UBC840	ISSR	ACACACACACACACACC
UBC820	ISSR	AGAGAGAGAGAGAGAGY*T
UBC849	ISSR	GAGAGAGAGAGAGAGAYT
UBC867	ISSR	GTGTGTGTGTGTGTGTYA
UBC857	ISSR	ACACACACACACACACYT

* Y معرف پیریمیدین (C/T) می‌باشد.

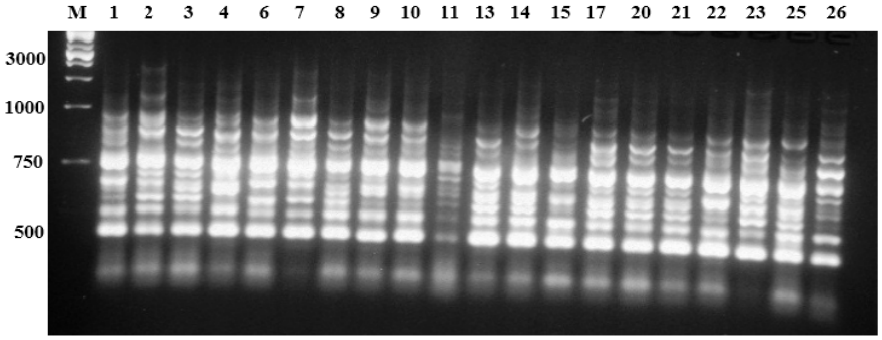
جدول۳- آغازگرهای IRAP و REMAP مورد استفاده و خصوصیات آن‌ها

آغازگر	دمای اتصال (درجه سانتی گراد)	تعداد مکان‌های تکثیری	تعداد مکان‌های چندشکل	درصد چند شکلی	تنوع نی	تعداد آلل های موثر	شاخص شانون	دامنه باندی (جفت باز)
Tvv1	۵۵	۷	۶	۸۵	۰/۳۳	۱/۵۵	۰/۴۹	۵۰۰-۲۰۰۰
Tvv1+Edel	۵۶	۵	۴	۸۰	۰/۳۱	۱/۵۱	۰/۴۵	۱۵۰ -۱۵۰۰
Tvv1+UBC820	۵۰	۵	۴	۸۰	۰/۲۷	۱/۴۲	۰/۴۲	۷۵ -۱۵۰۰
Tvv1+UBC849	۶۰	۷	۶	۸۵	۰/۳۸	۱/۷۰	۰/۵۴	۷۵ -۲۰۰۰
Tvv1+UBC840	۵۳	۱۰	۹	۹۰	۰/۲۷	۱/۴۲	۰/۴۱	۷۵ -۲۰۰۰
Tvv1+UBC808	۵۳	۱۰	۹	۹۰	۰/۳۸	۱/۶۹	۰/۵۸	۷۵ -۲۰۰۰
Tvv1+A7	۵۵	۶	۵	۸۳	۰/۲۸	۱/۴۵	۰/۴۲	۵۰۰ -۲۰۰۰
Vine1+UBC820	۶۰	۶	۵	۸۳	۰/۲۶	۱/۴۱	۰/۴۱	۷۵ -۲۰۰۰
Vine1+A7	۵۶	۸	۷	۸۷	۰/۳۴	۱/۴۷	۰/۴۶	۵۰۰ -۲۰۰۰
Gentil+A7	۶۰	۶	۰	۰	۰	۱/۰۰	۰	۱۵۰-۱۵۰۰
Gentil+UBC849	۵۰	۷	۶	۸۵	۰/۱۸	۱/۲۷	۰/۲۹	۱۰۰ -۲۰۰۰
Edel+UBC867	۵۰	۶	۵	۸۳	۰/۲۶	۱/۳۹	۰/۴۰	۱۰۰ -۱۵۰۰
Edel+A7	۵۶	۷	۶	۸۵	۰/۲۶	۱/۴۸	۰/۴۴	۱۵۰-۲۰۰۰
Edel+UBC857	۵۰	۶	۵	۸۳	۰/۲۱	۱/۳۶	۰/۳۲	۷۵ -۱۵۰۰
Huben+A7	۶۳	۷	۶	۸۵	۰/۳۲	۱/۵۲	۰/۴۷	۵۰۰ -۲۵۰۰
کل	-	۱۰۳	۸۳	۱۱۸۴	-	-	-	-
میانگین	-	۶/۸۶	۵/۵۳	۷۸/۹۳	۰/۲۷	۱/۴۴	۰/۴۰	-

نتایج و بحث

در بررسی تنوع ژنتیکی بین ۵۵ رقم زراعی و ۱۲ ژنوتیپ وحشی انگور از ۴۰ آغازگر منفرد و ترکیبی IRAP و REMAP استفاده شد. از بین آغازگرهای مورد استفاده، ۲ آغازگر IRAP و ۱۳ آغازگر REMAP الگوی باندی واضح و قابل امتیازدهی تولید کردند (جدول ۳). ۱۵ آغازگر رتروترنسپوزونی در مجموع ۱۰۳ مکان چند شکل در ۶۷ ژنوتیپ انگور تکثیر کردند که از این تعداد ۸۳ مکان (۸۰/۵۸ درصد) چندشکل (شکل ۱) بودند. دامنه باندهای تولید شده از ۷۵ تا ۲۵۰۰ جفت باز متغیر بود. میزان

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]



شکل۱- الگوی باندی تکثیر شده توسط آغازگر M .Vine1-A7) نشانگر اندازه (جفت باز)؛ ۱) رزقی؛ ۲) حسینی؛ ۳) تبرزه سفید؛ ۴) قره ملحی؛ ۶) ات اوزوم؛ ۷) لعل سیاه؛ ۸) سیاه سردشت؛ ۹) گرمیان، ۱۰) مایه مو؛ ۱۱) ریش بابا قرمز؛ ۱۳) کشمش قرمز؛ ۱۴) فخری؛ ۱۵) شاهرودی؛ ۱۷) صاحبی؛ ۲۰) تبرزه قرمز؛ ۲۱) دسترچین؛ ۲۲) ریش بابا سفید؛ ۲۳) خلیلی سفید؛ ۲۵) گوی ملکی؛ ۲۶) سایانی.

شاخص تنوع نی برای آغازگرها از صفر (آغازگرGentil-A7) تا ۰/۳۸ (آغازگر Tvv1-808) متغیر و میانگین آن ۰/۲۷ بود. دامنه شاخص اطلاعاتی شانون نیز برای آغازگرها از صفر (آغازگرGentil-A7) تا ۰/۵۷ (آغازگر Tvv1-808) متغیر و میانگین آن ۰/۴۰ محاسبه شد.

مقایسه خانواده‌های رتروترنسپوزونی به لحاظ میزان چندشکلی در ارقام مورد مطالعه نشان داد بیشترین تعداد مکان تکثیر شده (۵۰) مربوط به خانواده Tvv1 و کمترین تعداد مکان تکثیر شده (۷) مربوط به خانواده Huben بود. میانگین تعداد مکان به ازای هر خانواده رتروترنسپوزونی، ۲۱/۶ بود. بیشترین و کمترین درصد مکان‌های چندشکل به ترتیب مربوط به خانواده‌های Tvv1 (۸۶) و Gentil (۴۶/۱۵) بود. میانگین شاخص تنوع نی در خانواده‌های رتروترنسپوزونی از ۰/۰۱ (Gentil) تا ۰/۳۲ (Tvv1) متغیر و میانگین آن برابر ۰/۲۵ بود (جدول ۴). تجزیه کلاستر به روش UPGMA و ضریب تشابه دایس براساس داده‌های مربوط به هر خانواده (دندروگرام‌های مربوط به هر خانواده ارائه نشده‌است) نشان داد که خانواده‌های Edel و Huben نسبت به خانواده‌های دیگر ارقام زراعی و وحشی را بطور موثرتری از همدیگر متمایز می‌سازند.

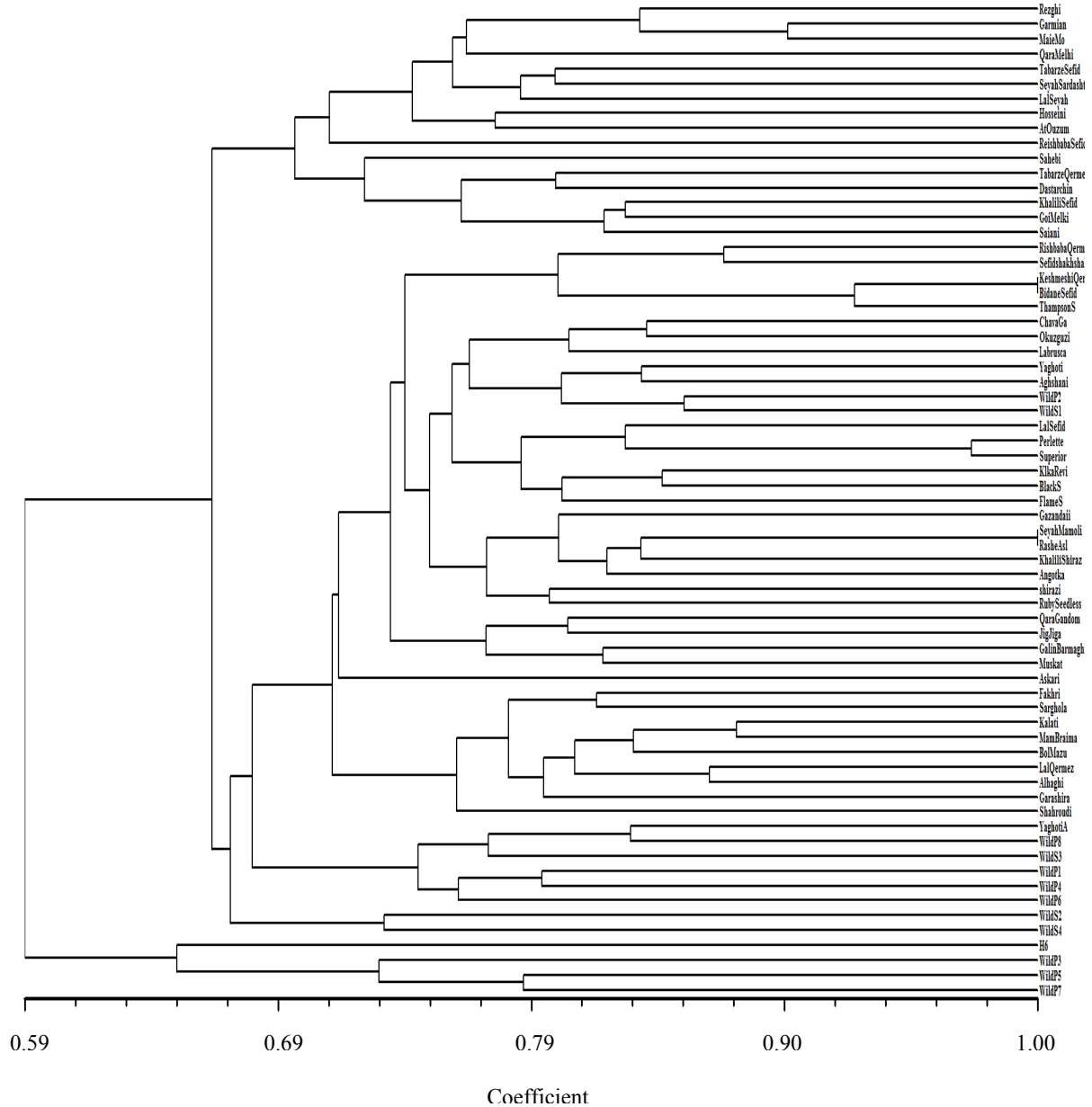
تجزیه کلاستر براساس ضریب تشابه Dice و الگوریتم UPGMA (شکل۲) ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در شش گروه قرار داد و ارقام زراعی و نمونه‌های وحشی را از هم متمایز کرد. انگور بی-دانه سفید و کشمشی قرمز با انگور تامسون سیدلس تشابه بالایی نشان داد. هم‌چنین انگور رشه اصل و کلون آن یعنی رقم خوشناو (سیاه معمولی) در یک گروه قرار گرفتند. ارقام خارجی انگور در گروه دوم قرار گرفتند. در این گروه تشابه ژنتیکی بالایی بین ارقام پرلت و سوپریور مشاهده شد. میزان تشابه ژنتیکی بین ارقام از ۰/۵۷ (رقم H6 با دسترچین) تا یک (رقم رشه اصل با سیاه معمولی وکشمشی قرمز با بیدانه سفید) متغیر و میانگین آن ۰/۷۸ بود.

به منظور تعیین و تایید گروه‌های متمایز حاصل از تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، تجزیه ساختار ژنتیکی ارقام مورد مطالعه با استفاده از نرم‌افزار Structure 2.3.1 انجام گرفت. بر این اساس سه گروه احتمالی (K=۳) در بین ارقام مورد مطالعه شناسایی شد و مقدار K=۳ مناسب‌ترین عدد برای محاسبه متوسط شاخص تثبیت (Fst) برای هر گروه برآورد شد (شکل ۳). متوسط شاخص تثبیت برای گروه‌های احتمالی I، II و III به ترتیب ۰/۱۱، ۰/۱۸ و ۰/۴۱ بود. هر چند تعداد گروه‌های حاصل با تعداد گروه‌های حاصل از تجزیه کلاستر به روش UPGMA متفاوت بود ولی تشابه ژنتیکی و مجاورت ارقام براساس دو روش مطابقت بالایی داشت. در همه گروه‌ها مقادیر متوسط Fst نسبتا بالا بود که نشان‌دهنده متمایز بودن ارقام مورد مطالعه در سه گروه احتمالی است. ماتریس سهم عضویت افراد در این گروه‌ها (جدول ۵) نیز نشان داد که ارقام با ضرایب بالایی به یک گروه تعلق دارند.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

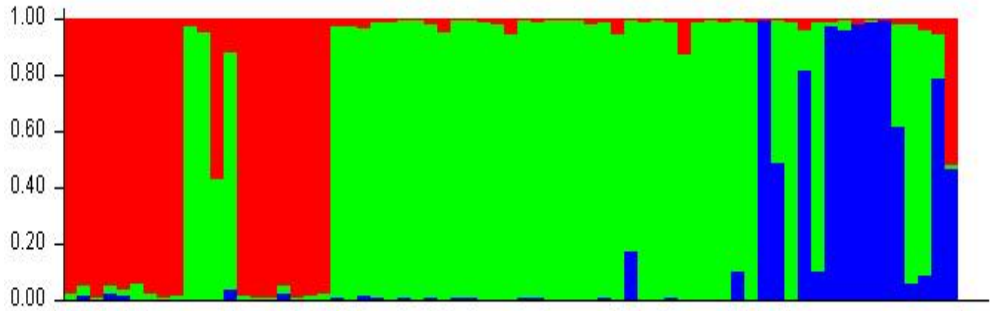
جدول ۴- مقایسه خانواده‌های رتروترنسپوزونی به لحاظ میزان تنوع در ژنوتیپ‌های انگور

خانواده رتروترنسپوزون	تعداد آغازگر	تعداد مکان	درصد چندشکلی	میانگین تنوع نی	تعداد آلل‌های موثر	شاخص شانون
Tvv1	۷	۵۰	۸۶	۰/۰۲ ± ۰/۳۲	۰/۰۵ ± ۱/۵۴	۰/۴۷ ±۰/۰۳
Vine1	۲	۱۴	۸۵/۷۱	۰/۰۴ ± ۰/۲۸	۰/۰۷ ± ۱/۴۴	۰/۴۳ ± ۰/۰۶
Edel	۴	۲۴	۸۳/۳۳	۰/۰۳ ± ۰/۲۶	۰/۰۷ ± ۱/۴۳	۰/۴۰ ±۰/۰۵
Gentil	۲	۱۳	۴۶/۱۵	۰/۰۴ ± ۰/۰۹	۰/۰۷ ± ۱/۱۴	۰/۱۵ ± ۰/۰۶
Huben	۱	۷	۸۵/۷۱	۰/۰۶ ± ۰/۲۸	۰/۱۳ ± ۱/۴۵	۰/۴۵ ±۰/۰۹
میانگین	-	۲۱/۶	۷۷/۳۸	۰/۲۵ ± ۰/۰۴	۱/۴۰ ± ۰/۰۷	۰/۳۸ ± ۰/۱۱



شکل۲- دندروگرام ۶۷ ژنوتیپ انگور با استفاده از ضریب تشابه Dice و الگوریتم UPGMA براساس نشانگرهای REMAP+IRAP. WildP) وحشی پیرانشهر؛ WildS) وحشی سردشت؛ BlackS) بلک سیدلس؛ TampsonS) تامسون سیدلس؛ FlameS) فلم سیدلس.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]



شکل۳- بارپلات رسم شده توسط نرم‌افزار Structure 2.3.1 در مقدار K=۳ برمبنای داده‌های حاصل از نشانگرهای IRAP+REMAP در ۶۷ رقم انگور. هر رنگ نشان دهنده یک گروه احتمالی بوده و اعداد روی محور عمودی میزان تعلق افراد هر گروه به گروه احتمالی مربوطه را نشان می‌دهد.

در این تحقیق از ۱۵ آغازگر IRAP و REMAP برای مطالعه الگوی توزیع و چندشکلی ادغامی برخی خانواده‌های رتروترنسپوزونی و هم‌چنین تنوع ژنتیکی در ۶۷ رقم زراعی و وحشی انگور استفاده شد. آغازگر مبتنی بر خانواده Tvv1 هم در حالت منفرد و هم در ترکیب با خانواده Edel، الگوی باندی واضح و قابل امتیازدهی ایجاد کرد که نشان‌دهنده نزدیکی و درج عناصر این خانواده در مجاورت همدیگر و هم‌چنین ادغام آن در نزدیکی خانواده رتروترنسپوزونی Edel در ژنوم انگور می‌باشد. در مقایسه خانواده‌های مطالعه شده به لحاظ درصد چندشکلی، خانواده Tvv1 بیشترین تعداد مکان به ازای هر آغازگر و بیشترین درصد چندشکلی (۸۶ درصد) را تولید کرد. این امر نشانگر تعداد بالای کپی این خانواده و هم‌چنین فعالیت و چندشکلی ادغامی زیاد این خانواده در ژنوم انگورهای ایرانی می‌باشد. D'Onofrio et al. (2010) در مطالعه چندشکلی ادغامی دو رتروترنسپوزون Vine1 و Tvv1 در ۲۹ ژنوتیپ از گونه‌های مختلف جنس Vitis، گزارش کردند که این رتروترنسپوزون‌ها در ژنوم گونه‌های مختلف جنس Vitis فراوانی بالایی داشته و قبل از واگرایی گونه-های مختلف این جنس، فعال و در تکامل گونه‌های آن نقش عمده‌ای داشته‌اند. در این مطالعه نشانگرهای مبتنی بر این دو خانواده قادر بودند ارقام و گونه‌های مختلف را از هم متمایز کنند. آغازگرهای مبتنی بر خانواده‌های رتروترنسپوزونی Gentil، Huben، Edel و Vine1 در حالت منفرد نتوانستند الگوی باندی واضحی ایجاد کنند در حالی که در ترکیب با آغازگرهای ISSR باندهای واضح و چندشکل ایجاد کردند به طوری که ترکیب آغازگری Vine1+A7 از بین ترکیبات آغازگری REMAP بیشترین تعداد باند و ۸۷ درصد چندشکلی در ارقام مورد مطالعه ایجاد کرد که بیانگر حضور زیاد رتروترنسپوزون Vine1 در نزدیکی موتیف‌های ریزماهواره‌ای مربوط به آغازگر A7 (AG) در ژنوم انگور می‌باشد. خانواده‌های رتروترنسپوزونی دیگر نیز در ترکیب با موتیف‌های ریزماهواره‌ای الگوی باندی واضح و چند-شکل ایجاد کردند که بیانگر حضور و درج این عناصر رتروترنسپوزونی در نزدیک توالی‌های ریزماهواره‌ای در ژنوم انگور می‌باشد. حضور خانواده‌های رتروترنسپوزونی مختلف در نزدیکی مایکروستلایت‌ها در گیاهان دیگر نیز گزارش شده‌است (Smykal et al. 2011; Abdollahi Mandoulakani et al. 2012; Nasri et al. 2013). معمولا نشانگرهای REMAP چندشکلی بیشتری نسبت به نشانگرهای IRAP تولید می‌کند و تعداد تکرار توالی‌های رتروترنسپوزونی موجود در ژنوم را بهتر نشان می‌دهند (Kalendar et al. 1999). در مطالعه حاضر نیز تعداد بیشتری از آغازگرهای REMAP در مقایسه با آغازگرهای IRAP الگوی باندی واضح و چندشکل تولید کردند.

دامنه ضریب تشابه ژنتیکی دایس بین ارقام مورد مطالعه از ۰/۵۷ تا یک متغیر و میانگین آن ۰/۷۸ بود. میانگین شاخص تنوع نی و شاخص اطلاعاتی شانون به ترتیب ۰/۲۷ و ۰/۴۰ بود که نشان-دهنده‌ی تنوع ژنتیکی مناسبی بین ژنوتیپ‌های انگور مورد مطالعه است. Kocsis et al. (2008) در مطالعه تنوع ژنتیکی ۱۲ رقم انگور با استفاده از نشانگرهای RAPD ضریب تشابه ژنتیکی بین ۰/۴۱ تا ۰/۶۴ را گزارش کردند. تفاوت‌های مشاهده شده بین این

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

جدول ۵- ماتریس سهم عضویت ارقام انگور در هر کلاستر براساس محاسبات نرم افزار Structure 2.3.1 در K= ۳

کد	ارقام	گروه			کد	ارقام	گروه		
		۱	۲	۳			۱	۲	۳
۱	رزقی	۰/۹۷۸	۰/۰۱۵	۰/۰۰۸	۴۳	آغ شانی	۰/۰۰۵	۰/۹۸۶	۰/۰۰۹
۲	حسینی	۰/۹۴۵	۰/۰۳۵	۰/۰۲۱	۴۴	جیغ جیغا	۰/۰۰۹	۰/۹۷۹	۰/۰۱۳
۳	تبرزه سفید	۰/۹۹۱	۰/۰۰۴	۰/۰۰۵	۴۵	لعل سفید	۰/۰۰۵	۰/۹۸۹	۰/۰۰۶
۴	قره ملحی	۰/۹۴۶	۰/۰۳۰	۰/۰۲۴	۴۶	کلکه ریوی	۰/۰۰۵	۰/۹۸۹	۰/۰۰۶
۶	ات اوزوم	۰/۹۶۴	۰/۰۲۰	۰/۰۱۷	۴۷	سیاه معمولی	۰/۰۰۶	۰/۹۹۰	۰/۰۰۴
۷	لعل سیاه	۰/۹۳۶	۰/۰۵۹	۰/۰۰۶	۴۹	شیرازی	۰/۰۲۱	۰/۹۷۳	۰/۰۰۶
۸	سیاه سردشت	۰/۹۷۳	۰/۰۲۰	۰/۰۰۷	۵۰	انگوتکه	۰/۰۱۰	۰/۹۷۸	۰/۰۱۲
۹	گرمیان	۰/۹۸۷	۰/۰۱۰	۰/۰۰۳	۵۱	لابروسکا	۰/۰۵۲	۰/۹۴۴	۰/۰۰۴
۱۰	مایه مو	۰/۹۸۱	۰/۰۱۵	۰/۰۰۳	۵۳	گلین بارماقی	۰/۰۰۶	۰/۸۲۲	۰/۱۷۱
۱۱	ریش بابا قرمز	۰/۰۲۶	۰/۹۶۹	۰/۰۰۶	۵۴	اکوز گوزی	۰/۰۱۰	۰/۹۸۴	۰/۰۰۶
۱۳	کشمش قرمز	۰/۰۴۳	۰/۹۵۵	۰/۰۰۲	۵۶	موسکات	۰/۰۰۴	۰/۹۹۰	۰/۰۰۶
۱۴	فخری	۰/۵۶۶	۰/۴۲۱	۰/۰۰۵	۵۷	خلیلی شیراز	۰/۰۱۰	۰/۹۷۸	۰/۰۱۲
۱۵	شاهرودی	۰/۱۱۵	۰/۸۴۷	۰/۰۳۸	۵۹	رابی سیدلس	۰/۱۲۶	۰/۸۶۸	۰/۰۰۶
۱۷	صاحبی	۰/۹۸۱	۰/۰۱۳	۰/۰۰۶	۶۰	پرلت	۰/۰۰۹	۰/۹۸۶	۰/۰۰۵
۲۰	تبرزه قرمز	۰/۹۹۲	۰/۰۰۴	۰/۰۰۴	۶۲	رشه اصل	۰/۰۰۴	۰/۹۹۱	۰/۰۰۴
۲۱	دسترچین	۰/۹۹۲	۰/۰۰۵	۰/۰۰۳	۶۳	بلاک سیدلس	۰/۰۰۹	۰/۹۸۴	۰/۰۰۷
۲۲	ریش بابا سفید	۰/۹۴۹	۰/۰۲۷	۰/۰۲۵	۶۴	فیلم سیدلس	۰/۰۰۶	۰/۸۹۰	۰/۱۰۵
۲۳	خلیلی سفید	۰/۹۸۸	۰/۰۰۵	۰/۰۰۷	۶۵	تامسون سیدلس	۰/۰۱۱	۰/۹۸۵	۰/۰۰۴
۲۵	گوی ملکی	۰/۹۸۵	۰/۰۰۹	۰/۰۰۵	۶۷	H6	۰/۰۰۲	۰/۰۰۳	۰/۹۹۵
۲۶	سایانی	۰/۹۷۴	۰/۰۲۰	۰/۰۰۶	۶۸	یاقوتی اصل	۰/۰۰۵	۰/۵۰۷	۰/۴۸۸
۲۷	کلاتی	۰/۰۲۲	۰/۹۷۰	۰/۰۰۸	۷۰	سوپریور	۰/۰۰۸	۰/۹۸۶	۰/۰۰۶
۲۸	مام برایمه	۰/۰۲۳	۰/۹۷۰	۰/۰۰۸	۷۱	وحشی پیرانشهر۱	۰/۰۳۸	۰/۱۴۷	۰/۸۱۶
۲۹	بول مازو	۰/۰۳۱	۰/۹۵۳	۰/۰۱۶	۷۲	وحشی پیرانشهر۲	۰/۰۰۸	۰/۸۸۵	۰/۱۰۷
۳۰	لعل قرمز	۰/۰۰۸	۰/۹۸۱	۰/۰۱۱	۷۳	وحشی پیرانشهر۳	۰/۰۰۸	۰/۰۱۵	۰/۹۷۷
۳۱	سفید شخ شخ	۰/۰۰۸	۰/۹۸۷	۰/۰۰۵	۷۴	وحشی پیرانشهر۴	۰/۰۰۷	۰/۰۲۹	۰/۹۶۴
۳۲	قره شیره	۰/۰۰۵	۰/۹۸۴	۰/۰۱۲	۷۵	وحشی پیرانشهر۵	۰/۰۱۵	۰/۰۰۶	۰/۹۷۹
۳۳	الحقی	۰/۰۰۷	۰/۹۸۹	۰/۰۰۴	۷۶	وحشی پیرانشهر۶	۰/۰۰۴	۰/۰۰۸	۰/۹۸۸
۳۴	عسگری	۰/۰۱۹	۰/۹۷۱	۰/۰۱۰	۷۷	وحشی پیرانشهر۷	۰/۰۰۳	۰/۰۰۴	۰/۹۹۲
۳۵	بیدانه سفید	۰/۰۴۶	۰/۹۵۱	۰/۰۰۲	۷۸	وحشی پیرانشهر۸	۰/۰۱۶	۰/۳۶۵	۰/۶۱۹
۳۷	سر قوله	۰/۰۰۷	۰/۹۸۴	۰/۰۰۸	۸۱	وحشی سردشت۱	۰/۰۱۶	۰/۹۲۰	۰/۰۶۴
۳۸	چاوه گا	۰/۰۰۶	۰/۹۸۶	۰/۰۰۸	۸۲	وحشی سردشت۲	۰/۰۴۲	۰/۸۶۷	۰/۰۹۱
۳۹	یاقوتی	۰/۰۱۱	۰/۹۸۳	۰/۰۰۶	۸۳	وحشی سردشت۳	۰/۰۵۴	۰/۱۶۰	۰/۷۸۶
۴۰	قره گندمه	۰/۰۱۹	۰/۹۷۵	۰/۰۰۵	۸۴	وحشی سردشت۴	۰/۵۲۰	۰/۰۱۵	۰/۴۶۵
۴۱	گزندایی	۰/۰۵۶	۰/۹۴۱	۰/۰۰۳					

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

تحقیق و مطالعه حاضر را می‌توان به تفاوت در تعداد ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و نوع نشانگرهای مورد استفاده نسبت داد. تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA براساس ضریب تشابه دایس ارقام مورد مطالعه را درشش گروه اصلی قرار داد (شکل۲). تمامی ارقام انگور بی‌دانه (به غیر از یاقوتی) در یک گروه (گروه ۲) قرار گرفتند. در این گروه که بزرگترین گروه حاصل از تجزیه کلاستر ارقام مورد مطالعه بود ارقام بی‌دانه سفید و کشمش قرمز با فاصله ژنتیکی کم در مجاورت هم واقع شدند که می‌تواند نمایانگر وجود روابط ژنتیکی بین آن‌ها باشد. هم‌چنین ارتباط ژنتیکی نزدیکی بین این دو انگور و انگور تامسون سیدلس مشاهده شد. انگور تامسون سیدلس کلونی پر بار و زودرس از انگور بی‌دانه سفید است که در اثر وقوع جهش‌های اتفاقی به‌دست آمده است (Dolati Baneh et al. 2007). بنابراین قرارگیری این ارقام در یک گروه در مجاورت هم قابل انتظار می‌باشد. رقم رشه اصل با سیاه معمولی (خوشناو) در این کلاستر در مجاورت هم قرار گرفته‌اند. رقم سیاه معمولی یا خوشناو کلونی پربار از انگور رشه اصل است (Dolati Baneh et al. 2007). هم‌چنین این ارقام تشابه ژنتیکی نزدیکی با رقم خلیلی شیراز نشان دادند. در تحقیق Dolati Baneh et al. (2007) با نشانگرهای AFLP نیز رقم‌های رشه و خوشناو در یک کلاستر با فاصله کم در مجاورت هم قرار گرفتند. هم‌چنین در این گروه دو رقم پرلت و سوپریور تشابه بسیار بالایی نشان دادند. دندروگرام حاصل، انگورهای زراعی و وحشی مورد مطالعه در پژوهش حاضر را از هم متمایز کرد. هر چند که در گروه انگورهای زراعی چند نمونه انگور وحشی نیز قرار گرفت. در این گروه نیز ارتباط نزدیکی بین انگور سیاه معمولی و انگوتکه و ژنوتیپ وحشیS1 دیده شد. این سه نمونه متعلق به منطقه سردشت هستند. Renger et al. (2004) به منظور بررسی تغییرات ژنتیکی در ۸۷ نمونه از انگورهای وحشی و زراعی از نشانگرهای SSR و مورفولوژیک استفاده کردند. نتایج آن‌ها رابطه نزدیکی بین انگورهای وحشی و ارقام زراعی نشان نداد ولی تنوع ژنتیکی بالایی در نمونه‌های انگور وحشی مشاهده شد. Dolati Baneh et al. (2007) نیز براساس نشانگرهای ریزماهواره کلروپلاستی گزارش کردند که رقم سیاه معمولی و ژنوتیپ‌های وحشی منطقه سردشت دارای هاپلوتیپ مشترک هستند. اما براساس نتایج ریزماهواره هسته‌ای گزارش کردند که تشابه ژنتیکی زیادی بین انگور سیاه معمولی و انگورهای وحشی منطقه وجود ندارد. این نتایج نشان می‌دهد با وجود این‌که دندروگرام حاصل، ارقام مورد مطالعه را از هم تفکیک کرد ولی گروه‌بندی ارقام تحت‌تاثیر مبدا جغرافیایی قرار نگرفت، بنابراین به نظر می‌رسد که در برنامه‌های دورگ‌گیری انگور از فاصله ژنتیکی به جای فاصله جغرافیایی استفاده شود. در تحقیق حاضر براساس نتایج حاصل از نشانگرهای رتروترنسپوزونی مورد استفاده، حالت سینونیمی (یک رقم با دو اسم) بین ارقام رشه و سیاه معمولی (خوشناو) در بین انگورهای مورد بررسی مشخص شد. هم‌چنین حالت‌هایی نیز از همونیمی (ارقام متفاوت با اسامی یکسان) بین انگورهای ریش بابا سفید و ریش بابا قرمز مشاهده شد که احتمال کلون بودن آن‌ها فرض می‌شد. این ارقام در دندروگرام حاصل کاملا مجزا از هم بوده و درگروه‌های متفاوت قرارگرفتند. Dolati Baneh et al. (2007) براساس نشانگرهای SSR و براساس نتایج حاصله از روابط والد- نتاج گزارش کردند که انگور ریش بابا قرمز یکی از والدین احتمالی انگور ریش بابا سفید بوده‌است.

در کل اطلاعات حاصل از این پژوهش نشان داد که استفاده از نشانگرهای IRAP و REMAP در جهت شناسایی و گروه‌بندی ارقام انگور مفید می‌باشد و تنوع نسبتا خوبی در کلکسیون ارقام انگور مطالعه شده وجود دارد که می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی انگور مورد استفاده قرار گیرد. با توجه به این‌که هر خانواده رتروترنسپوزونی الگوی توزیع و تاریخچه ادغامی متفاوتی در ژنوم دارد و هر خانواده در نواحی ژنومی متفاوتی اعم از یوکروماتینی و هتروکروماتینی ادغام می‌شوند توصیه می‌شود که از خانواده‌های رتروترنسپوزونی مختلف در مطالعات مرتبط در انگور و گیاهان دیگر استفاده شود تا پوشش ژنومی مناسبی حاصل شود. همچنین با توجه به اتمام توالی‌یابی ژنوم انگور و کارایی بالای نشانگرهای IRAP و REMAP بهتر است خانواده-های رتروترنسپوزونی دیگر نیز در ژنوم این گیاه شناسایی شده و کارایی آن‌ها به عنوان نشانگر ملکولی مورد بررسی قرار گیرد. البته جهت پیشرفت اساسی در روش‌های انتخاب و استراتژی به‌نژادی توصیه می‌شود تجزیه و تحلیل این نشانگرها همراه با نشانگرهای ژنی و داده‌های فنوتیپی صورت گیرد. براساس نتایج حاصل از

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

تحقیق حاضر خانواده Tvv1 دارای بیشترین فعالیت و تعداد کپی در ژنوم انگور بود. بنابراین می‌توان از نشانگرهای مبتنی بر این خانواده جهت مطالعه روابط تکامل بین گونه‌های مختلف در جنس Vitis استفاده کرد.

سپاسگزاری

از پژوهشکده زیست فناوری دانشگاه ارومیه به خاطر تامین امکانات آزمایشگاهی و از مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان غربی به دلیل فراهم کردن نمونه‌های گیاهی قدردانی می‌شود.

منابع

Abdollahi Mandoulakani B, Piri Y, Darvishzadeh R, Bernoosi I, Jafari M (2012) Retroelement insertional polymorphism and genetic diversity in *Medicago sativa* populations revealed by IRAP and REMAP markers. Plant Molecular Biology Reporter 30: 286-296

Ausubel FM, Brent R, Kingston RE, Moore DD, Seidman JG, Smith JA, Struhl K, Albright LM, Coen DM, Varki A (1995) Current protocols in molecular biology. John Wiley and Sons New York.

Bowers JE, Meredith CP (1996) Genetic Similarities among wine grape cultivars revealed by Restriction Fragment-length polymorphism (AFLP) analysis. Journal of American Society for Horticultural Sciences 121: 620-624.

Carreno E, Lopez MA, Labra M, Rivera D, Sancha J, Ocete R, Martinez de, Toda YF (2004) Genetic relationship between some Spanish *Vitis vinifera* L. subsp. *Sativa* cultivars and wild grapevine populations (*Vitis vinifera* L subsp. *Silvestris* (Gmelin) Hegi): a preliminary study. Plant Genetic Research Newsletter 137: 42-45.

Cervera MT, Cabezas JA, Sancha JC, Martinez F, Martinez JM (1998) Application of AFLP to the Characterization of grapevine *vitis vinifera* genetic resources. A case study with accessions from Rioja (Spain). Theoretical and Applied Genetics 97: 51-59.

D'Onofrio C, DeLorenzis 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.

Dolati Baneh H, Grassi F, Mohammadi SA, De Mattima f, Imazio S, Labra M (2007) The use of AFLP and morphological markers to study Iranian grapevine germplasm to avoidgenetic erosion. Journal of Horticulthural Science and Biotechnology 82: 745-752.

Dolati Baneh H, Mohammadi SA, Labra M, Nazemieh A, De Mattia F, Mardi M (2007). Chloroplast microsatallites markers to assess genetic diversity in wild and cultivated grapevines of Iran. Pakistan Journal of Biological Sciences 10: 1855-1859.

Flavell AJ, Knox MR, Pearce SR, Ellis THN (1998) Retrotransposon based insertion polymorphisms (RBIP) for high throughput marker analysis. Plant Journal 16: 643-650.

Grando M, Frisinghelli C (1998) Grape microsatellite markers: sizing of DNA alleles and genotype analysis of some grapevine cultivars. Vitis 37: 79-82.

Grassi F, Labra M, Scienza A, Imazio S (2002) Chloroplast SSR markers to assess DNA diversity in wild and cultivated grapevine. Vitis 41: 157-158.

Jaillon O, Aury JM, Noel B, Policriti A, Clepet C, Casagrande A, Choisne N, Aubourg S, Vitulo N, Jubin C, Vezzi A, Legeai F, Hugueney P, Dasilva C, Horner D, Mica E, Jublot D, Poulain J, Bruyère C, Billault A, Segurens B, Gouyvenoux M, Ugarte E, Cattonaro F, Anthouard V, Vico V, Del Fabbro C, Alaux M, Di Gaspero G, Dumas V, Felice N, Paillard S, Juman I, Moroldo M, Scalabrin S, Canaguier A, Le Clainche I, Malacrida G, Durand E, Pesole G, Laucou V, Chatelet P, Merdinoglu D, Delledonne M, Pezzotti M, Lecharny A, Scarpelli C, Artiguenave F, Pè ME, Valle G, Morgante M, Caboche M, Adam-Blondon AF, Weissenbach J, Quétier F, Wincker P (2007) The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. Nature 449: 463-467.

Jedari Kouhi B, Garoosi GA, Hosseini R (2011) Investigation on genetic variation in seedless grapevine cultivars using RAPD molecular marker. Journal of Cell and Tissue 2: 99-106 (In Farsi).

Kalendar R, Grob T, Regina M, Souniemi A, Schulman AH (1999) IRAP and REMAP: Two new retrotransposon-based DNA fingerprinting techniques. Theoretical and Applied Genetic 98: 704-711.

Karami MJ (1995) Identification of grapes of Kordestan province. MSc Dissertation, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Iran (In Farsi).

Kocsis M, Romi LJ, Putnoki, Kozma P, Borhidi A (2005) Genetic diversity among twelve grape cultivars indigenous to the Carpathian Basin revealed by RAPD markers. Vitis 44: 87-91.

Martinez LE, Cavagnaro PF, Masuelli RW, Zuniga M (2006) SSR-based assessment of genetic diversity in south American *Vitis vinifera* varieties. Plant Science 170: 1036-1044.

Nasri S, Abdollahi Mandoulakani B, Darvishzadeh R, Bernousi I (2013) Retrotransposon insertional polymorphism in Iranian bread wheat cultivars and breeding lines revealed by IRAP and REMAP markers. Biochemical Genetics 51: 927-943

Peakall R, Smouse P (2006) GenAlEx 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes 6: 288-295.

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.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945-954.

Ramallo, E, Kalendar R, Schulman AH, Martinez JA (2008) Reme1, a Copia retrotransposon in melon is transcriptionally induced by UV light. Plant Molecular Biology 66: 137-150.

Regner F, Hack R, Gangl H, Leitner G, Mandl K, Tiefenbrunner W (2004) Genetic variability and incidence of systemic diseases in wild vines (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*) along the Danub. Votes 43: 123-130.

Rohlf FJ (2000) NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and multivariate analysis System, version 2.1. Exeter Software, New York.

Smykal P, Bacova-Kerteszova N, Kalendar R, Corander J, Schulman AH, Pavelek M (2011) Genetic diversity of cultivated flax (*Linum usitatissimum* L.) germplasm assessed by retrotransposon-based markers. Theoretical and Applied Genetics 122:1385-1397

Tafzili A, Hekmati J, Firouzeh P (1994) Grape. University of Shiraz Publication, Iran (In Farsi).

Velasco R, Zharkikh A, Troggio M, Cartwright DA, Cestaro A, Pruss D, Pindo M, FitzGerald LM, Vezzulli S, Reid J, Malacarne G, Iliev D, Coppola G, Wardell B, Micheletti D, Macalma T, Facci M, Mitchell JT, Perazzolli M, Eldredge G, Gatto P, Oyzerski R, Moretto M, Gutin N, Stefanini M, Chen Y, Segala C, Davenport C, Demattè L, Mraz A, Battilana J, Stormo K, Costa F, Tao Q, Si-Ammour A, Harkins T, Lackey A, Perbost C, Taillon B, Stella A, Solovyev V, Fawcett JA, Sterck L, Vandepoele K, Grando SM, Toppo S, Moser C, Lanchbury J, Bogden R, Skolnick M, Sgaramella V, Bhatnagar SK, Fontana P, Gutin A, Van de Peer Y, Salamini F, Viola R (2007) A high quality draft consensus sequence of the genome of a heterozygous grapevine variety. PLoS ONE 2: e1326.

Vukich M, Schulman AH, Giordani T, Natali L, Kalendar R, Cavallini A (2009) Genetic variability in sunflower (*Helianthus annuus* L.) and in the Helianthus genus as assessed by retrotransposon-based molecular markers. Theoretical and Applied Genetics 119: 1027-1038.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1394.10.3.12.2]