ژنتیک نوین
دوره پانزدهم ، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۹
صفحه ۱۰۱ - ۹۳

ارزیابی تنوع در مکان ژنی خودناسازگاری و جداسازی اولین آلل این مکان ژنی در ژنوتیپ‌های بومی درخت به (*Cydonia oblonga* Mill.) ایران

Evaluation of Diversity and Isolation of the First Self-Incompatibility Allele in Indigenous Quince (*Cydonia oblonga* Mill.) Genotypes of Iran

زهرا طلایی[۱]، حمید عبداللهی*[۲]، بهزاد سرخی[۳]، مریم تاتاری[٤]، محمد ترکاشوند[٥]

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج، کرج، ایران

۲- دانشیار، پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری، موسسه تحقیقات علوم باغبانی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۳- استادیار، بخش ژنتیک و ذخایر توارثی گیاهی، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

٤- استادیار، بخش تحقیقات نهال و بذر، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اصفهان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اصفهان، ایران

۵- گروه بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم و تحقیقات، تهران، ایران

Talaei Z[1], Abdollahi H[*2], Sorkhi B[3], Tatari M[4], Torkashvand M[5]

1- MSc Student, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Azad University of Karaj, Karaj, Iran.

2- Associate Professor, Temperate Fruits Research Center, Horticultural Sciences Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

3- Assistant Professor, Genetic and Plant Resources Department, Seed and Plant Improvement Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

4- Assistant Professor, Horticulture Crops Research Department, Isfahan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension organization (AREEO), Isfahan, Iran

5- Biotechnology Department, Faculty of Agriculture and Natural Science, Science and Research Branch, Azad University, Tehran, Iran.

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: habdollahi@yahoo.it

(تاریخ دریافت: ۹۷/٦/۱۳ - تاریخ پذیرش: ۹۸/۵/۱۱)

چکیده

درخت به (*Cydonia oblonga* Mill.) از نظر سازگاری گرده، گونه‌ای خودسازگار محسوب می‌شود، لیکن سطوح متفاوتی از خود ناسازگاری در ارقام و ژنوتیپ‌های آن گزارش شده است. با توجه به عدم بررسی آلل‌های خودناسازگاری مکان ژنی و تنوع احتمالی آللی این مکان ژنی (*S*) در درخت به و تاثیر آن در میزان خود ناسازگاری، در این تحقیق به ارزیابی تنوع در مکان ژنی خودناسازگاری، جداسازی، تعیین توالی و ودیعه‌گذاری اولین آلل خودناسازگاری در شماری از ارقام و ژنوتیپ‌های بومی این درخت پرداخته شد. آغازگرهای مورد استفاده بر اساس نواحی محافظت شده C1 و C5 مکان ژنی *S* در گونه‌های نزدیک مشتمل بر سیب و گلابی طراحی شدند. ژنوتیپ‌های مورد بررسی مشتمل بر ۵۵ رقم و ژنوتیپ از استان‌های اصفهان، خراسان‌رضوی، اردبیل و گیلان بودند و تکثیر این مکان ژنی نشان‌دهنده تنوع آن در ژنوتیپ‌ها بود. قطعات تکثیری با طول بین ۵۰۰ تا ۱۱۰۰ باز در ۱۳ اندازه مختلف در ارقام و ژنوتیپ‌ها مشاهده شدند که به‌صورت *Sq1* تا *Sq13* به‌صورت مقدماتی کدگذاری شدند. بیش‌ترین فراوانی آللی مربوط به آلل *Sq13* با ۱۷/۷ درصد فراوانی و پس از آن آلل *Sq4* با ۱٤/٤ درصد فراونی بود. تعیین توالی کامل این مکان ژنی در ژنوتیپ KM1 یا به ترش‌اصفهان ضمن تشخیص اولین آلل خودناسازگاری این گونه که به‌صورت *S1* (MF281258) نام‌گذاری و ودیعه‌گذاری شد، بیانگر بالاترین شباهت این آلل با دو آلل خودناسازگاری *S6* گونه سیب *Malus domestica* Borkh. و آلل *Ss* (*S111*) گونه گلابی *Pyrus communis* L. به‌ترتیب با ۹٤ و ۹۳ درصد شباهت نوکلئوتیدی بود.

واژه‌های کلیدی

آلل *S*
خودسازگاری
تنوع آللی
پیشرانه
درختان میوه دانه‌دار

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]

مقدمه

گونه درخت به با نام علمی *Cydonia oblonga* Mill. درخت یا درختچه‌ای با رشد متوسط و از زیرخانواده اسپیروایده[1] متعلق به خانواده گلسرخیان[2] می‌باشد. این درخت بومی غرب آسیا و به‌ویژه نوحی شمال ایران، ترکمنستان و ناحیه بین دریای خزر تا دریای سیاه در در نواحی قفقاز بوده و ژنوتیپ‌های وحشی آن در جنگل‌های شمال ایران از آستارا تا کتول در استان مازندران پراکنده است (Sabeti 1994؛ Bell and Leitão 2011). درخت به پس از سیب و گلابی سومین درخت میوه در زیرگروه درختان میوه‌دانه‌دار از نظر اهمیت تجاری محسوب شده و مجموع سطح زیرکشت و تولید جهانی آن طبق آخرین آمار ارائه شده توسط سازمان خواروبار جهانی در سال ۲۰۱۶ میلادی، به‌ترتیب در حدود ۸۲ هزارهکتار و ۶۵۰ هزارتن بوده است (FAO, 2018). عمده‌ترین کشورهای تولید کننده میوه به بر اساس این آمار، به‌ترتیب کشورهای ازبکستان، چین، ترکیه و ایران بوده‌اند که به‌نظر می‌رسد در کشور چین، گونه دیگری به‌نام به چینی متعلق به جنس *Pseudocydonia sinensis* sp. به‌عنوان گونه به از دیرباز مد نظر بوده است.

متوسط عملکرد درخت به در بسیاری از کشورهای تولیدکننده این محصول، به‌طور قابل‌توجهی کم‌تر از دیگر درختان میوه دانه‌دار نظیر سیب و گلابی می‌باشد (FAO 2018) و عوامل متعددی نظیر میزان تشکیل میوه[3]، پتانسیل ژنتیکی رقم، مراقبت‌های باغی و در نهایت وجود و یا عدم وجود رقم گرده‌زا در عملکرد باغ تاثیرگذار می‌باشند. در خانواده گلسرخیان، گرده‌افشانی از طریق حشرات گرده‌افشان صورت گرفته و وجود زنبورعسل و یا دیگر انواع گرده‌افشان‌ها در انتقال دانه‌گرده در هر دو گروه گونه‌های خودسازگار و خوداناسازگار، ضروری است (Kleinjans et al. 2012). بر این اساس، حشرات گرده‌افشان به‌منظور جمع‌آوری گرده و یا شهد، نسبت به ویزیت گل‌ها اقدام گرده و سبب انتقال گرده و گرده‌افشانی خواهند شد (Jacobs et al. 2009). از طرفی گونه‌های مختلف درخت میوه مربوط به خانواده گلسرخیان، به دو گروه گونه‌های خوداناسازگار[4] نظیر سیب، گلابی، گیلاس، آلو، زردآلو و گونه‌های خودسازگار[5] نظیر هلو، شلیل و آلبالو تقسیم می‌شوند (Hauck et al. 2002؛ De Franceschi et al. 2012). درخت به گرچه بیش‌تر همانند درختان هلو و شلیل به‌عنوان گونه‌ای خودسازگار در خانواده گلسرخیان طبقه‌بندی می‌شود، لیکن Tatari et al. (2018) سطوح متفاوتی از خودسازگاری را در ارقام و ژنوتیپ‌های این گونه گزارش کردند. همچنین مشاهده شده است که طیفی از ارقام کاملاً خودسازگار تا کاملاً خوداناسازگار در این گونه وجود دارد، به‌صورتی که ارقام درخت به در دو گروه خودسازگار و خوداناسازگار قابل طبقه‌بندی می‌باشند (Nagy-Déri et al. 2013).

ارزیابی‌های انجام شده نشان‌داده که برخی ارقام درخت به نظیر رقم به کنستانتینوپول[6] و به گلابی شکل دونابوگدانی[7] به‌عنوان ارقام کاملاً خوداناساگاز و ارقام به آنجرز[8] و متزوتوری[9] ارقام کاملاً خودسازگار می‌باشند (Maliga 1966؛ Nyéki 1990؛ Szabó et al. 1999؛ Nyéki et al. 2003؛ Soltész 1998). همچنین بر اساس تجربه میدانی مشاهده شده است که باغ‌های درخت به کشت‌شده به‌صورت مخلوطی از ارقام و یا ژنوتیپ‌ها، اغلب دارای باردهی بهتری نسبت به باغ‌های یکدست می‌باشند (Tatari et al. 2018).

طی دو دهه اخیر، تحقیقات گسترده‌ای روی ساختارهای ژنتیکی خودسازگاری یا خوداناسازگاری گونه‌های خانواده گلسرخیان انجام شده است (De Franceschi et al. 2012؛ de Nettancourt, 1977؛ Broothaerts and Van Nerum 2003؛ Nikzad Gharehaghaji et al. 2014). بر اساس این بررسی‌ها، اعضای این خانواده دارای سیستم خوداناسازگاری گامتوفیتیک با یک مکان ژنی (S-locus)، واجد تعداد زیادی آلل خوداناسازگاری (S-allele) می‌باشند. در این سیستم خوداناسازگاری، حداقل دومکان ژنی یکی متعلق به گرده و دیگری متعلق به خامه، عامل شناسائی و ایجاد ناسازگاری گرده می‌باشد (de Nettancourt 1977؛

[1] *Spiraeoideae*
[2] Rosaceae
[3] Fruit Set
[4] Self-Incompatible
[5] Self-Compatible
[6] Constantinople
[7] Pear-shaped Dunabogdány
[8] Angers
[9] Mezőtúri

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]

Nikzad Gharehaghaji et al. 2014). بر اساس این مدل، یک یا چند باکس ژنی باروری (F-box) متعلق به هاپلوتایپ گرده و یک ریبونوکلئاز خامه معروف به S-RNase (Broothaerts et al. 1995؛ Nikzad Gharehaghaji et al. 2014) تعیین‌کننده اثر متقابل سازگاری گرده و خامه است. با توجه به اهمیت شناسائی و تعیین آلل‌های خودناسازگاری در هر رقم یا ژنوتیپ، درکنار شناسائی ساختارهای ژنتیکی خوناسازگاری، تلاش‌های متعددی در رابطه با جداسازی و تعیین نوع آلل‌های خودناسازگاری در هر رقم از درختان میوه دانه‌دار نظیر سیب آلل *S1* تا *S47* (Broothaerts and Van Nerum 2003) و گلابی از آلل *S101* تا *S128* (Nikzad Gharehaghaji et al. 2014؛ Sanzol 2009a,b) انجام شده است. از طرفی با توجه به سطح زیرکشت کم‌تر درخت به در مقایسه با درخت سیب و گلابی از یکسو، و از سوی دیگر عدم استفاده از این گونه در بسیاری از کشورهای اروپایی به منظور تولید میوه، و در نهایت خودسازگاری قابل‌توجه تعداد زیادی از ارقام و ژنوتیپ‌های این درخت، تاکنون تحقیقات منسجمی روی شناسائی ساختارهای ژنتیکی این مکان‌ژنی در درخت به انجام نشده است.

استفاده از پتانسیل‌های کامل ژنتیکی یک محصول با هدف تولید کافی و اقتصادی آن دارای اهمیت است؛ بر این اساس، وجود سطوح اندکی از خودناسازگاری در درخت به، سبب می‌شود تا تولید و عملکرد باغ‌های این محصول کاهش یابد و بر خلاف دیگر درختان میوه دانه‌دار که عدم کشت رقم گرده‌زا سبب توقف باردهی و یا کاهش چشمگیر عملکرد می‌شود، در این درخت، افت نسبی عملکرد و کاهش راندمان تولید برای تولیدکننده به‌صورت بخشی از خصوصیت ژنتیکی درخت خودنمائی و کم‌تر جهت رفع و یا بهبود آن اقدام می‌شود. لذا در این تحقیق، به‌منظور اولین گام در جهت شناسائی و مقایسه مکان ژنی خودناسازگاری در درخت به و بررسی تاثیر آن در سازگاری و باردهی ارقام، به بررسی مقدماتی و اولیه این مکان ژنی در شماری از ارقام بومی و ژنوتیپ‌های این درخت پرداخته شد.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی امکان جداسازی آلل خودناسازگاری و ارزیابی تنوع ژنتیکی این مکان ژنی، جمعاً تعداد ۵۵ رقم و ژنوتیپ درخت به منشاء گرفته از مناطق مختلف کشور مشتمل بر استان‌ها اصفهان، خراسان، اردبیل، تهران و گیلان (جدول ۱) همراه با سه رقم از جمهوری آذربایجان به نام‌های دارناک، بش‌اولدوز و رجبلی-۱، پنج رقم پایه اروپائی Quince A، Quince B، Quince C، Quince BA29، Quince Adams، رقم بارداک از ترکیه، همراه با به ژاپنی گل قرمز و گل سفید هر دو متعلق به گونه *Chaenomeles japonica*، به چینی متعلق به گونه *Pseudocydonia sinensis* (Thouin) C. K. Schneid. و گونه ولیک میوه قرمز یا سرخه ولیک متعلق به گونه *Crataegus atrosanguinea* مورد ارزیابی قرار گرفتند.

جدول ۱- ارقام و ژنوتیپ‌های درخت به مناطق مختلف مورد مطالعه به‌منظور ارزیابی مکان ژنی خودناسازگاری همراه با منشاء جغرافیائی رقم و یا ژنوتیپ مورد استفاده.

منشاء	نام تجاری ارقام و کد ژنوتیپ‌ها و منشاء آن‌ها
Iran-Esfahan Province	ET1 (Esfahan)[1], KM1 (Kalishad), Viduja (Kashan), KVD2 (Kashan), Esfahan (Esfahan plateau), KVD4 (Kashan), NB2 (Natanz), NB3 (Natanz), NB4 (Natanz), PH2 (Felaverjan), PK2 (Felaverjan), SHA1 (Shahreza), SVS1 (Semirom), SVS2 (Semirom), Chimeh Kashan
Iran-Khorasan Province	M1 (Torsh) (Mashhad), M2 (Moghavem 2) (Mashhad), M3 (Esfahan Oghaf)(Mashhad), M4 (Moghavem 1) (Mashhad), M5 (Gardan Dar) (Mashhad), M6 (Khosro) (Mashhad), M7 (Sahel Borj) (Mashhad), M8 (Dizbad) (Mashhad)
Iran-Guilan Province	AS1 (Astara), AS2 (Astara), ASM1 (Astara), ASM2 (Astara), ASM3 (Astara), ASP1 (Astara), ASP2 (Astara), Unkown 1
Iran-Ardabil Province	Ardabil 1 (Ardabil), Ardabil 2 (Ardabil), Ardabil 3 (Ardabil), Ardabil 4 (Ardabil), Ardabil 5 (Ardabil), Ardabil 6 (Ardabil), Ardabil 7 (Ardabil), Haj Agh Kishi (Kowsar), Amroudi Kowsar (Kowsar)
Iran-Azarbaijan Province	Torsh Azarbaijan
Iran-Tehran Province	LA1 (Lavasan); LA3 (Lavasan)
Europe	Quince A (England), Quince Adams (Belgium), Quince B (England), Quince C (England), Quince PQBA29 (France)
Republic of Azerbaijan	Besh Olduz, Darnak, Rajabli 1
Turkey	Bardak
Related Species	*Chanemoleles japonica* var. White, *Chaenomeles japonica* var. Pink, *Crataegus atrosanguinea*, *Pseudocydonia sinensis* (Chinese quince),

[1] منشاء جغرافیائی ارقام و ژنوتیپ‌ها داخل پرانتز نشان داده شده است.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]

ارقام و ژنوتیپ‌های مورد استفاده همگی از کلکسیون درخت به پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری موسسه تحقیقات علوم باغبانی دریافت شدند. با توجه به عدم وجود اطلاعات در بانک‌های اطلاعاتی در رابطه با مکان ژنی خودناسازگاری در گونه به، برای طراحی آغازگرهای مورد نیاز، کامل‌ترین توالی آلل‌های خودناسازگاری ودیعه گذاشته‌شده در بانک‌اطلاعاتی متعلق به گونه‌های نزدیک شامل گونه‌های سیب و گلابی (*Pyrus* spp.) و ترجیحاً واجد بخشی از پیشرانه، با استفاده از تارنمای مرکز ملی اطلاعات زیست‌فن‌آوری (National Center for Biotechnology Information-NCBI) انتخاب شدند. سپس با استفاده از خطی‌کردن (Alignment)، پنج ناحیه حفاظت‌شده C1 تا C5 مکان ژنی *S* روی توالی نوکلئوتیدی آن‌ها شناسائی و مشخص شد. خطی کردن توالی‌ها با استفاده از نرم‌افزار تحت وب مولتالین (MultAlin) (Corpet 1988) و ارزیابی پیشرانه با نرم‌افزار Plant-Care انجام شد. آغازگرهای مورد استفاده بر اساس امکان تکثیر بیش‌ترین طول ژن روی نواحی خطی شده و حفاظت شده مکان‌های ژنی گونه‌های نزدیک طراحی شد.

استخراج DNA ژنومی روی برگ‌های جوان با سطح کلروفیل کم و طول کمتر از ٤ سانتی‌متر با روش ترکیبی CTAB و SDS انجام شد (Khoramdel Azad et al. 2008). ارزیابی غلظت و میزان خلوص DNA استخراج شده، با استفاده از روش اسپکتروفتومتریک، به‌صورت ارزیابی میزان جذب در طول موج‌های ۲۳۰ و ۲٦۰ نانومتر انجام شد. گزینش آغازگرهای مورد استفاده بر اساس حداکثر طول تکثیر مکان ژنی، هدف قرار گرفت و با بررسی در منابع مختلف، سه جفت آغازگر انتخاب شدند. این آغازگرها شامل جفت آغازگر Sall، ارائه شده توسط موتا و همکاران (۲۰۰۷) و جفت آغازگرهای FB، ارائه شده توسط Babaei et al.(2012) بودند. از بین آغازگرها، جفت آغازگر Sall-F (5'-TTTACGCAGCAATATCAGC-3') و FB-R1 (5'-GCATTTTCAATATCCA(C/A)CAG-3') که از نظر طول، حداکثر طول قطعه تکثیری را تولید می‌کردند، انتخاب شدند (جدول ۲). پس از هم‌ردیفی این آغازگرها با توالی‌های هدف، مشخص شد که آغازگر پیشرو گزینش شده در منطقه C1 و آغازگر پیرو آن در ناحیه نیمه‌حفاظت شده ۵۳ نوکلئوتید پایین دست انتهای منطقه حفاظت شده RC4 قرار دارد که گستره قابل توجهی از کلیه آلل‌ها را پوشش می‌دهد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرازی (PCR) با استفاده از دستگاه ترموسایکلر اپندورف (Eppendorf) مدل MasterCycler-Gradient روی DNA ارقام و ژنوتیپ‌های درخت به انجام گرفت. به‌منظور تعیین آلل‌های خود ناسازگاری از روش توالی‌یابی محصولات حاصل استفاده شد. جفت آغازگر مورد استفاده از شرکت متابیون (Metabion) تهیه و رقیق‌سازی آن‌ها با آب‌مقطر دی‌یونیزه و براساس OD ارائه شده آغازگر در غلظت ۱۰ میکرومولار انجام شد. سایر مواد مورد نیاز واکنش زنجیره‌ای پلیمراز شامل ۲۰ پیکومول $MgCl_2$، ۱۰۰ نانوگرم DNA بوده و هم‌چنین در هر واکنش، غلظت هر آغازگر ۵ واحد به ازاء هر واکنش ۲۵ میکرولیتری در نظر گرفته شد.

سایر اجزاء ثابت واکنش PCR، به‌میزان ۰/۵ میکرولیتر بافر واکنش ۱۰ برابر غلظت (10X)، یک واحد آنزیم DNA پلی‌مراز و ۰/۵ میکرولیتر از محلول مادری dNTPs با غلظت ۱۰ میلی‌مولار بود. به‌منظور مشاهده و اندازه‌گیری وزن باندهای حاصل، از دستگاه الکتروفورز افقی با ژل آگارز یک درصد استفاده و با ولتاژ ۸۵ ولت باندها تفکیک شدند.

جدول ۲- توالی‌های نوکلئوتیدی آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق برای تکثیر آلل‌های مکان ژنی S در ارقام و ژنوتیپ‌های درخت به

آغازگرها	توالی نوکلئوتیدی	منبع
Sall-F	5' - TTTACGCAGCAATATCAGC -3'	Mota et al. 2007
Sall-R	5' - TTTTG(T/C)TTC(T/C)(T/G/C)GGTT(G/A)TGTAC -3'	Mota et al. 2007
FB-F	5' - GATCCT(C/A)CTGACAA(G/A)TTGTT(T/C)AC - 3'	Babei et al. 2012
FB-R1	5' - GCATTTTCAATATCCA(C/A)CAG -3'	Babei et al. 2012
FB-R2	5' - CCAAATAATT(T/A)(C/T/G)CA(A/G)CTG(T/G)G -3'	Babei et al. 2012

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

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]

به‌منظور شناسایی نوع آلل‌های خودناسازگاری تکثیر شده، محصولات PCR توسط کمپانی بایونیرکره جنوبی توالی‌یابی شدند. توالی‌های به‌دست آمده، در نرم‌افزار بیوادیت (BioEdit) ویرایش و میزان تشابه توالی‌های شناسای شده با آلل‌های مختلف، درنرم‌افزار بلاست بررسی شد.

نتایج و بحث

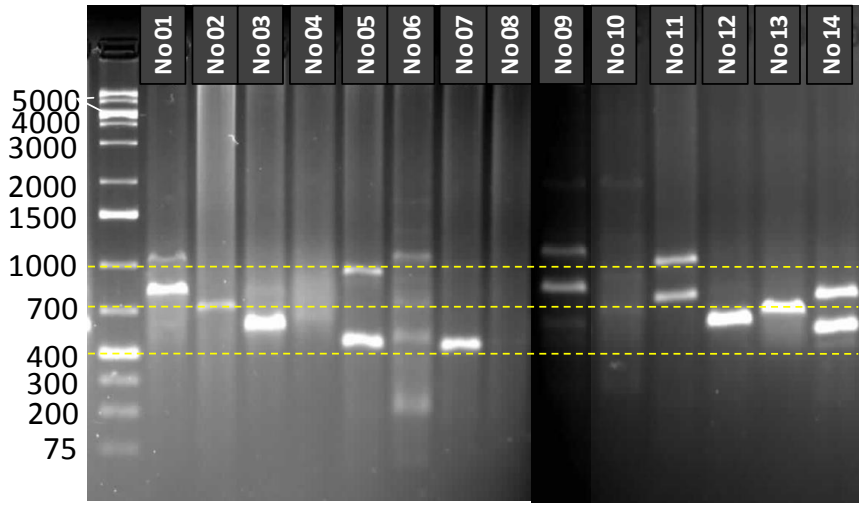
تکثیر DNA بیانگر امکان تولید باند با استفاده از آغازگرهای مورد استفاده در ٤٥ رقم، ژنوتیپ و گونه مورد بررسی بود و در ١٠ ژنوتیپ هیچ باندی تکثیر نشد، که دلیل این امر می‌تواند وجود تنوع خفیف در مکان‌های در نظر گرفته شده برای طراحی آغازگرها بین گونه سیب و گلابی و گونه مورد استفاده در این تحقیق باشد. باندهای تکثیری همچنین در محدوده ٥٠٠ تا ١١٠٠ باز بوده و در ١٣ اندازه مختلف مشتمل بر ٥٠٠، ٥٥٠، ٥٨٠، ٦٠٠، ٦٥٠، ٧٠٠، ٧٥٠، ٨٠٠، ٨٥٠، ٩٠٠، ٩٥٠، ١٠٠٠ و ١١٠٠ نوکلئوتید طبقه‌بندی شدند (شکل ١، جدول ٣). همچنین در ١٣ ژنوتیپ از ٥٥ ژنوتیپ مورد بررسی، تعداد دو آلل خودناسازگاری تکثیر شد و در سایر ٣٢ ژنوتیپ و رقم تنها یک آلل توسط آغازگرها تکثیر شد (جدول ٣، شکل ١). ارزیابی توالی آلل‌های تکثیری تنها با آغازگر FB-F و بررسی میزان شباهت آن‌ها، تایید کننده تکثیر مکان ژنی خودناسازگاری در ارقام، ژنوتیپ‌ها و گونه‌ها بود. Tatari et al. (2018) سطوح متفاوتی از خودسازگاری را در ارقام و ژنوتیپ‌های درخت به گزارش کردند و همچنین ارقام کاملاً خودسازگار تا کاملاً خودناسازگار در این گونه توسط Nagy-Déri et al. (2013) مورد توجه قرار گرفته است. بر اساس نتایج Tatari et al.(2018) و Nagy-Déri et al. (2013) و با توجه به امکان خودسازگاری نسبی یا کامل در برخی ارقام و ژنوتیپ‌های به، بر خلاف درختان سیب و گلابی که به‌دلیل ناسازگاری شدید امکان مشاهده ارقام یا ژنوتیپ‌های هموزیگوت در این مکان ژنی بسیار ناچیز است، این ارزیابی نشان داد که احتمالاً ٧٦/٤ درصد از ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر مکان ژنی مورد نظر هموزیگوت بودند. وجود سطح بالائی از هموزیگوسیتی در این مکان ژنی نشان می‌دهد که در درخت به، احتمال خودسازگاری بالاتری نسبت به خودناسازگاری وجود داشته و احتمالاً تعداد زیادتری از بذرهای تولید شده در طی تکامل ارقام و ژنوتیپ‌های طی دوره‌های گذشته، در اثر خودباروری ایجاد شده است.

Khoramdel Azad et al. (2013) نسبت به بررسی جمعیت‌های مختلف درخت به منشأ گرفته از مناطق مختلف ایران با استفاده از نشانگرهای SSR سیب و گلابی پرداختند و مشاهده کردند که این جمعیت‌ها به‌صورت مستقل قابل خوشه‌بندی هستند. بر این اساس این امکان وجود دارد که اندازه قطعات تکثیری با استفاده از آغازگرهای این تحقیق تا اندازه‌ای تابع جمعیت مورد بررسی بوده، به این معنی که فراوانی یک یا چند آلل در ژنوتیپ‌های منشاء گرفته از یک ناحیه بیش‌تر باشد. ارزیابی نتایج نشان داد که در ژنوتیپ‌های منشأ گرفته از استان اردبیل قطعات تکثیری بین ٥٠٠ تا ١١٠٠ باز، در ژنوتیپ‌های منشأ گرفته از اروپا قطعات تکثیری بین ٨٥٠ تا ١١٠٠ باز، در ژنوتیپ‌های منشاء گرفته از استان اصفهان قطعات تکثیری بین ٥٥٠ تا ١١٠٠ باز، در ژنوتیپ‌های منشأ گرفته از جمهوری آذربایجان اردبیل قطعات تکثیری بین ٧٠٠ تا ٩٥٠ باز، در ژنوتیپ‌های منشأ گرفته از استان خراسان رضوی قطعات تکثیری بین ٥٥٠ تا ١١٠٠ باز و در ژنوتیپ‌های منشأ گرفته از استان گیلان نیز قطعات تکثیری بین ٦٠٠ تا ١١٠٠ باز بودند که نفی کننده فرضیه امکان برقراری ارتباط بین طول باند با منشاء رقم یا ژنوتیپ است (جدول ٣). لیکن بر خلاف مطلب فوق، ژنوتیپ‌ها و ارقام دارای دو آلل تکثیری در جمعیت‌های اکثر مناطق مشاهده شد، به غیر از پایه‌های منشاء گرفته از جمعیت اروپا که در تمامی آنها تنها یک باند تکثیر شد. این امر بیانگر احتمال وجود سطح بالاتری از خودناسازگاری در ژنوتیپ‌های درخت به اروپا در مقایسه با ارقام و ژنوتیپ‌های مختلف ایران می‌باشد و با نتایج Nagy-Déri et al. (2013) که به آنجرز فرانسه را کاملاً خودسازگار ازریابی کرده بود در انطباق است. قطعات تکثیری مربوط به مکان ژنی خودناسازگاری بر اساس طول به‌صورت فرضی[1] از ١ تا ١٣ نامگذاری شدند بر این اساس قطعه ٥٠٠ بازی آلل *Sq1* و

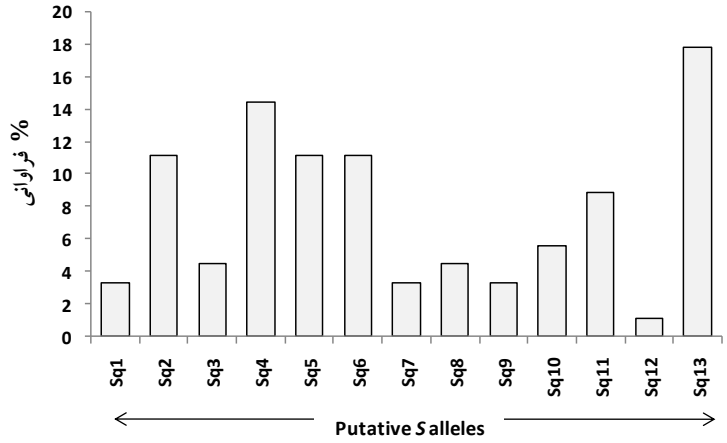
[1] Putative

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]

به‌ترتیب قطعات ۵۵۰، ۵۸۰، ۶۰۰، ۶۵۰، ۷۰۰، ۷۵۰، ۸۰۰، ۸۵۰، ۹۰۰، ۹۵۰، ۱۰۰۰ و ۱۱۰۰ بازی به‌ترتیب *Sq2*، *Sq3*، *Sq4*، *Sq5*، *Sq6*، *Sq7*، *Sq8*، *Sq9*، *Sq10*، *Sq11*، *Sq12* و در نهایت *Sq13* نام‌گذاری شدند. نتایج نشان‌دهنده این بود که بیش‌ترین فراوانی آللی مربوط به آلل *Sq13* با ۱۷/۷ فراوانی و پس از آن آلل *Sq4* با ۱٤/٤ فراوانی بود. هم‌چنین آلل‌های *Sq2*، *Sq5* و *Sq6* هر یک دارای فراوانی ۱۱/۱ درصد بودند (شکل ۲).



شکل ۱- الگوی تکثیری باندی مکان ژنی خودناسازگاری در شماری از ارقام و ژنوتیپ‌های درخت به (*Cydonia oblonga* Mill.) با استفاده از آغازگرهای FB-F و FB-R2. الگوی باندی به‌ترتیب متعلق به ژنوتیپ اصفهان اوقاف (۱)؛ AS1 (۲)؛ KVD2 (۳)؛ ترش (M1) (٤)؛ اردبیل ٤ (٥)؛ گردن‌دار (٦)؛ اردبیل ٥ (۷)؛ خسرو (۸)؛ NB4 (۹)؛ ساحل‌برج (۱۰)؛ حاج‌آقاکیشی (۱۱)؛ بارداک (۱۲)؛ بش‌اولدوز (۱۳)؛ به‌ترش آذربایجان (۱٤).

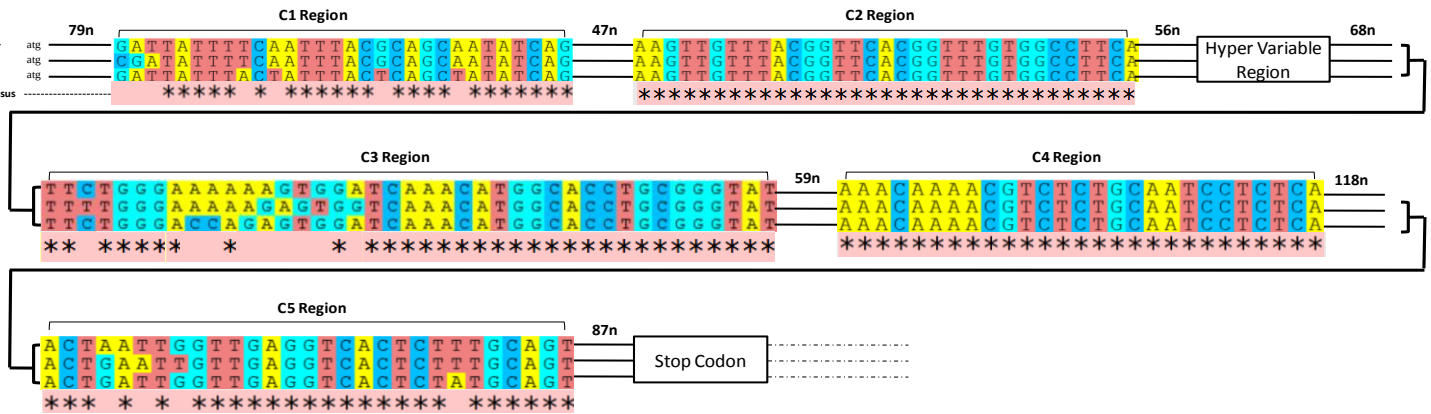


شکل ۲- درصد فراوانی آلل‌های مفروض تکثیری در ارقام، ژنوتیپ‌های به (*Cydonia oblonga* Mill.) و گونه‌های مرتبط شامل *Pseudocydonia sinensis*، *Chaenomeles japonica* و *Crataegus atrosanguinea* مورد بررسی بر اساس طول باند تکثیری.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]

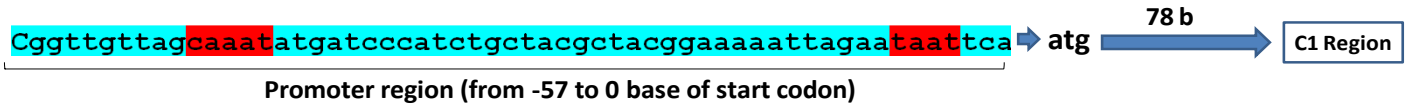
جدول ۳- آلل‌های تکثیری مربوط به مکان ژنی خودناسازگاری در ارقام و ژنوتیپ‌های درخت به (*Cydonia oblonga* Mill.) و شماری از گونه‌های نزدیک مشتمل بر به ژاپنی، به چینی و ولیک و هم‌چنین ژنوتیپ مفروض (Putative Genotype) مکان ژنی بر اساس الگوی باندی حاصل از تکثیر مکان ژنی.

ردیف	ژنوتیپ	آلل اول	آلل دوم	ژنوتیپ مفروض	ردیف	ژنوتیپ	آلل اول	آلل دوم	ژنوتیپ مفروض
۱	ET1	---	---	Undetermined	۲۹	ASP2	۷۵۰	۱۱۰۰	*Sq7Sq13*
۲	KM1	۵۵۰	۷۰۰	*Sq2 Sq6*	۳۰	نامشخص	۵۵۰	---	*Sq2Sq2*
۳	Viduja	۵۵۰	۸۰۰	*Sq2 Sq8*	۳۱	Ardabil 1	---	---	؟؟؟
٤	KVD2	٦۵۰	---	*Sq5Sq5*	۳۲	Ardabil 2	۵۸۰	---	*Sq3Sq3*
۵	Esfahan	٦۵۰	---	*Sq5Sq5*	۳۳	Ardabil 3	---	---	؟؟؟
٦	KVD4	۹۰۰	---	*Sq10Sq10*	۳٤	Ardabil 4	۵۰۰	۱۰۰۰	*Sq1Sq12*
۷	NB2	٦۰۰	۱۱۰۰	*Sq4Sq13*	۳۵	Ardabil 5	۵۰۰		*Sq1Sq1*
۸	NB4	۸۵۰	۱۱۰۰	*Sq9Sq13*	۳٦	Ardabil 6	---	---	؟؟؟
۹	PH2	۷۰۰	---	*Sq6 Sq6*	۳۷	Ardabil 7	٦۰۰	---	*Sq4Sq4*
۱۰	PK2	---	---	Undetermined	۳۸	Haj Agh Kishi	۸۰۰	۱۱۰۰	*Sq8Sq13*
۱۱	SHA1	۷۰۰	---	*Sq6 Sq6*	۳۹	Amroudi Kosari	۷۰۰	---	*Sq6Sq6*
۱۲	SVS1	۹۵۰	---	*Sq11 Sq11*	٤۰	LA1	۱۱۰۰	---	*Sq13Sq13*
۱۳	SVS2	٦۵۰	---	*Sq5Sq5*	٤۱	LA3	٦۵۰	---	*Sq5Sq5*
۱٤	Chimeh Kashan	٦۰۰	---	*Sq4 Sq4*	٤۲	Quince A	۱۱۰۰	---	*Sq13Sq13*
۱۵	M1 (Torsh)	---	---	Undetermined	٤۳	Quince B	۱۱۰۰	---	*Sq13Sq13*
۱٦	M2 (Moghavem 2)	۵۵۰	---	*Sq2 Sq2*	٤٤	Quince C	۸۵۰	---	*Sq9Sq9*
۱۷	M3 (Esfahan Oghaf	۸۰۰	۱۱۰۰	*Sq8 Sq13*	٤۵	Quince Adams	۹۵۰	---	*Sq11Sq11*
۱۸	M4 (Moghavem 1)	٦۰۰	۱۱۰۰	*Sq4 Sq13*	٤٦	Quince PQBA29	۱۱۰۰	---	*Sq13Sq13*
۱۹	M5 (Gardan Dar)	---	---	Undetermined	٤۷	Besh Olduz	۷۰۰	---	*Sq7 Sq7*
۲۰	M6 Khosro)	---	---	Undetermined	٤۸	Rajabli 1	۹۵۰	---	*Sq11Sq11*
۲۱	M7 (Sahel Borj)	---	---	Undetermined	٤۹	Darnak	۹۵۰	---	*Sq11Sq11*
۲۲	M8 (Dizbad)	۵۵۰	---	*Sq2 Sq2*	۵۰	Bardak	٦۰۰	---	*Sq4Sq4*
۲۳	AS1	۷۰۰	---	*Sq6Sq6*	۵۱	*Chanemoleles japonica* var. White	٦۵۰	---	*Sq5Sq5*
۲٤	AS2	٦۰۰	---	*Sq4 Sq4*	۵۲	*Chaenomeles japonica* var. Pink	۵۵۰	---	*Sq2Sq2*
۲۵	ASM1	۹۰۰	۱۱۰۰	*Sq10 Sq13*	۵۳	*Crataegus atrosanguinea*	۵۸۰	---	*Sq3Sq3*
۲٦	ASM2	---	---	Undetermined	۵٤	*Pseudocydonia sinensis* (Chinese quince)	٦۰۰	---	*Sq4Sq4*
۲۷	ASM3	۷۰۰	۹۰۰	*Sq6Sq10*	۵۵	Torsh Azarbaijan	٦۰۰	۸۰۰	*Sq4Sq8*
۲۸	ASP1	۹۰۰	۱۱۰۰	*Sq10 Sq13*	۵٦				



شکل ۳- مقایسه ساختارهای نواحی حفاظت شده C1 تا C5 در آلل خودناسازگاری *S1* گونه به (*Cydonia oblonga* Mill.) مشخص شده با کد S_1Co و مقایسه توالی این نواحی با نزدیک‌ترین آلل‌های موجود در بانک اطلاعاتی مشتمل بر آلل خودناسازگاری *S111* (*Ss*) گلابی گونه *Pyrus communis* L. (*S111Pc*) و آلل خودناسازگاری *S6* گونه سیب *Malus domestica* Borkh. (*S6Md*).

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]



شکل ٤- آنالیز ناحیه پیشرانه‌ای آلل S1 در رقم به ترش اصفهان (KM1) گونه به *Cydonia oblonga Mill.* در ناحیه صفر تا ٥٧- باز از کدون شروع. دو ناحیه taat باکس و caat باکس با ناحیه قرمز مشخص شده است.

جدول ٤- مقایسه توالی پلی‌پپتیدی نواحی حفاظت شده پنج‌گانه C1 تا C5 مکان ژنی خودناسازگاری در اولین آلل خودناسازگاری (S1) در گونه به *Cydonia oblonga Mill.* (S1Co) با شبیه‌ترین آلل‌های خودناسازگاری شامل آلل خودناسازگاری S6 گونه سیب *Malus domestica Borkh.* (S6Md) و آلل Ss (S111) گونه گلابی *Pyrus communis L.* (S111Pc).

آلل	ناحیه حفاظت‌شده C1	ناحیه حفاظت‌شده C2	ناحیه حفاظت‌شده C3	ناحیه حفاظت‌شده RC4	ناحیه حفاظت‌شده C5
S111Pc	*DYFQFTQQYQ*	*KLFTVHGLWPS*	*FWEKSGSNMAPAG*	*KQNVSAILS*	*TNWLRSLFA*
S6Md	*RYFQFTQQYQ*	*KLFTVHGLWPS*	*FWEKEWSNMAPAG*	*KQNVSAILS*	*TELLRSLFA*
S1Co	*DYLLFTQLYQ*	*KLFTVHGLWPS*	*FWDQSGSNMAPAG*	*KQNVSAILS*	*TDWLRSLYA*
Consensus	*dYfqFTQqYQ*	*KLFTVHGLWPS*	*FWeksgSNMAPAG*	*KQNVSAILS*	*T.wLRSLfA*

از سوی دیگر تجربه میدانی در رابطه با احداث باغ‌های به نشان داده است که استفاده از رقم متفاوت و سازگار سبب افزایش باروری باغ خواهد شد. همچنین نتایج Tatari et al. (2018) نشان داد که تفاوت قابل توجهی بین میزان تشکیل میوه و تلقیح در صورت استفاده از ارقام متفاوت به‌عنوان رقم گرده‌زا روی رقم تجاری به اصفهان مشاهده می‌شود. این نتایج بیانگر وجود نوعی خودناسازگاری نسبی در ارقام و ژنوتیپ‌های به است که گرچه به‌صورت یک مانع جدی برای تشکیل میوه محسوب نمی‌شود، لیکن در برخی سال‌ها و در برخی شرایط به‌دلیل فعالیت کم‌تر زنبور و حیطه محدودتر پرواز حشارت گرده‌افشان، به‌دلیل گسترش کم‌تر گرده رقم یا ژنوتیپ سازگار از مناطق دورتر، سبب افت عملکرد و کاهش تولید شود. لذا در ادامه تحقیق اخیر لازم است به شناسائی دقیق آلل‌های خودناسازگاری در ارقام و ژنوتیپ‌های این گونه پرداخته شود و ارتباط نوع آلل با میزان و شدت خودناسازگاری در بین ژنوتیپ‌ها به نحو روشن‌تری مورد بررسی قرار گیرد. هم‌چنین، به‌منظور تایید نهائی نقش این مکان ژنی در بروز خودناسازگاری یا خودسازگاری لازم است نتایج حاصل از بررسی‌های مولکولی، در بررسی باغی و با استفاده از گرده‌افشانی دستی شکوفه ارقام و ژنوتیپ‌ها ارزیابی شوند.

منابع

Bell LR, Leitão JM. (2011) *Cydonia*. In: Kole C (Ed.) Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources, Temperate Fruits. Springer-Verlag Press. Heidelberg, Germany 1-16.

Broothaerts W, Van Nerum I (2003). Apple self-incompatibility genotypes: an overview. Acta Horticulturae 622: 379-387.

Broothaerts W, Janssens GA, Proost P, Broekaert F (1995) cDNA cloning and molecular analysis of two self-incompatibility alleles from apple. Plant Molecular Biology 27: 499-511.

Corpet F (1988) Multiple sequence alignment with hierarchical clustering Nucleic Acids Research 16: 10881-10890.

De Franceschi P, Dondini L, Sanzol J (2012) Molecular bases and evolutionary dynamics of self-incompatibility in the *Pyrinae* (*Rosaceae*). Journal of Experimental Botany 63:4015-4032.

De Nettancourt D (1977) Incompatibility in angiosperms. In: Frankel R, Gall GAE, Linskens HF (Eds.) Monographs in Theoretical and Applied Genetics, Vol 3. Springer, Berlin Heidelberg, New York, USA 1-27.

FAO (2018). Statistical Year Book of Food and Agriculture Organization. FAO, Rome, Italy.

Hauck RN, Yamane H, Tao R, Iezzoni AF (2002) Self-compatibility and incompatibility in tetraploid sour cherry (*Prunus cerasus* L.). Sexual Plant Reproduction 15: 39-46.

Jacobs JH, Clark SJ, Denholm I, Goulson D, Stoate C, Osborne JL (2009) Pollination biology of fruit-bearing hedgerow plants and the role of flower-visiting insects in fruit-set. Annals of Botany 104:1397-1404.

Khoramdel Azad M, Abdollahi H, Taeb M (2008) Optimization of DNA extraction from Iranian quince (*Cydonia oblonga* Mill.) genotypes. In: The 2nd International Student Conference of Biotechnology. University of Tehran, 5 (In Farsi).

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]

Khoramdel Azad M, Nassiri J, Abdollahi H (2013) Genetic diversity of selected Iranian quinces using SSRs from apples and pears. Biochemical Genetics 51: 426-442.
Kleinjans HAW, van Keulen SJ, Blacquière T, Booij CJH, Hok-A-Hin CH, Cornelissen ACM, van Dooremalen JA (2012) The possible role of honey bees in the spread of pollen from field trials. Plant Research International, Wageningen University & Research Centre, The Netherlands. 87.
Maliga P (1966) Birs termékenyülési vizsgálatok. Szőlő- és. Gyümölcstermesztés. 1: 115-131.
Nagy-Déri H, Orosz-Kovács Z, Farkas A (2013) Comparative studies on nectar from two self-fertile and two self-sterile cultivars of quince (*Cydonia oblonga* Mill.) and their attractiveness to honeybees. The Journal of Horticultural Science and Biotechnology 88: 776-782
Nikzad Gharehaghaji A, Arzani K, Abdollahi H, Shojaeian A, Dondini L, De Franceschi P (2014) Genomic characterization of self-incompatibility ribonucleases in the Central Asian pear germplasm and introgression of new alleles from other species of the genus *Pyrus*. Tree Genetics and Genomics 10: 411-428.
Nyéki J (1990) Birstermesztés. In: Gyuró F (Ed). Gyümölcstermesztés. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest, Hungary 354-367.
Nyéki J, Soltész M, Szabó Z (2003) Quince. In: Kozma P, Nyéki J, Soltész M, Szabó Z (Eds.) Floral Biology, Pollination and Fertilisation in Temperate Zone Fruit Species and Grape. Akadémiai Kiadó, Budapest, Hungary. 333-339.
Sabeti H (1994) Trees and Shrubs of Iran. Yazd University Publication, Yazd, Iran. 810 pp. (In Farsi).
Sanzol J (2009a) Genomic characterization of self-incompatibility ribonucleases (*S*-RNases) in European pear cultivars and development of PCR detection for 20 alleles. Tree Genetics and Genomics 5:393-405.
Sanzol J (2009b) Pistil-function breakdown in a new S-allele of European pear, *S21*, confers self-compatibility. Plant Cell Reports 28: 457-467.
Soltész M (1998) Birs. In: Soltész M (Ed.) Gyümölcsfajta Ismeret és -Használat. Mezőgazdasági Kiadó, Budapest, Hungary 187-195. (In Hungarian).
Szabó T, Nyéki J, Soltész M, Szabó Z, Tóth T (1999) Time of flowering and fertilization of quince varieties. International Journal of Horticultural Science 5: 9-15.
Tatari M, Abdollahi H, Mousavi A (2018) Effect of pollination on dropping of flowers and fruits in new quince (*Cydonia oblonga* Mill.) cultivar and promising genotypes. Scientia Horticulturae 231: 126-132.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.2.3.6]