

ارزیابی خصوصیات پومولوژیکی، مورفولوژیکی و ژنتیکی تعدادی از ارقام و ژنوتیپ های زردآلو ایران

سرور محمد زاده^۱، ناصر بوذری^{۲*} و وحید عبدوسی^۳
۱، دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و استادیار گروه باغبانی دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم تحقیقات، تهران
۲، استادیار، بخش باغبانی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج
(تاریخ دریافت: ۹۰/۳/۲۲ - تاریخ تصویب: ۹۰/۷/۱۶)

چکیده

زردآلو (*prunus armeniaca* L.) از نظر اقتصادی یکی از مهمترین میوه های مناطق معتدله می باشد. ایران دارای تنوع خوبی از انواع درختان میوه بخصوص زردآلو می باشد. این آزمایش به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۳۰ رقم و ژنوتیپ زردآلو ایرانی و ۲ رقم خارجی به عنوان شاهد با استفاده از صفات مورفولوژیکی و مارکر RAPD انجام گرفت. در آزمایش اول روابط ۲۱ صفت کمی و کیفی میوه، برگ، درخت و گل مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج تجزیه همبستگی ساده وجود همبستگی های مثبت و منفی معنی داری بین برخی صفات را نشان داد. در آزمایش دوم نشانگر RAPD به کمک ۳۵ آغازگر ده نوکلئوتیدی برای بررسی تنوع ژنتیکی ارقام و ژنوتیپ های مورد بررسی بکار رفت. نوارهای با وضوح بالا که دارای تکرار پذیری خوبی بودند برای محاسبات انتخاب شدند. ضریب کوفتیکتی بین ماتریس تشابه و دندروگرام در حد $r = 0/79$ بدست آمد که نشان دهنده همبستگی مناسب دندروگرام با ماتریس تشابه است. با توجه به نتایج بدست آمده ارقام و ژنوتیپ های مورد بررسی از تنوع بالایی برخوردار بودند. بعلاوه، این آزمایش نشان داد که نشانگر RAPD برای گروه بندی ارقام زردآلو مناسب است. بطور کلی نتایج این پژوهش نشان داد که سطح چند شکلی بالا بین ارقام و ژنوتیپ های ایرانی زردآلو وجود دارد که نشان می دهد ایران می تواند یکی از مراکز تنوع زردآلو در دنیا باشد. بعلاوه، این آزمایش نشان داد که نشانگر RAPD برای گروه بندی ارقام زردآلو مناسب است.

واژه های کلیدی: تنوع ژنتیکی، صفات مورفولوژیکی، نشانگر RAPD

مقدمه

اقتصادی و درآمد زایی بالا کشت و کار می گردد (Dejampoor et al., 2006). از لحاظ تولید، ایران با ۲۸۰/۰۰۰ تن در سال، سومین تولید کننده زردآلو در جهان است (FAO, 2008). اکثر ارقام اروپایی زردآلو خودبارورند و نیازی به درخت گرده زا ندارند در صورتیکه اکثر ارقام آسیایی دگر بارورند (Hakimi, 1996). زردآلو یک میوه شفت با درون بر سخت است که اغلب به آن میوه سنگی هم گفته می شود (Rasolzadegan, 1991). اغلب رقم های معرفی شده امروزی زردآلوهها بوسیله گزینش از میان ژنوتیپ های بومی بدست آمده اند. بعلاوه، اهدافی مثل خواص

زردآلو با نام علمی *prunus armeniaca* L. متعلق به تیره Rosaceae و بومی چین و سیبری می باشد. (Hormaza, 2002). زردآلو به عنوان یکی از مهمترین محصولات سردرختی مناطق معتدله در ایران بالاخص در استان هایی نظیر آذربایجان شرقی، تهران و سمنان است. سابقه کشت و کار این محصول و تولید محصولات خشکباری نظیر برگه و قیسی و جنبه های صادراتی آن جایگاه این محصول را در ایران روشن می سازد. اهمیت اقتصادی این محصول در کشور به گونه ای است که در بعضی از شهر ها به عنوان یک محصول زودرس با ارزش

میوه خوب برای خشک کردن، تولید میوه های رومی، عادت دیرگدھی، توسعه نواحی تولید و طولانی کردن فصل رسیدگی میوه، سازگاری محلی و استفاده از گزینش های سازگار شده محلی، در بین عوامل اصلی اصلاحی برای زردآلوه‌ها مورد رسیدگی و بررسی قرار گرفته اند (Aradhya et al., 2004). اصلاح اغلب گونه های مختلف درختان میوه بعلت دوره نونهالی طولانی، زمان طولانی تر تولید نسل و اندازه بزرگ گیاه، یک فرآیند پرخرج و وقت گیر است. این عوامل مانع استفاده از یک جمعیت بزرگ در برنامه های اصلاحی می شود. بخاطر وجود این قبیل مشکلات است که تلاش کمی در جهت برنامه های اصلاحی درختان میوه در مقایسه با اغلب گونه های زراعی انجام می شود و در نتیجه، برنامه های اصلاحی در اغلب گونه های درختان میوه های معتدله هنوز در مراحل اولیه می باشند. بهرحال بدلیل نیاز به پاسخگویی به تقاضاهای زیاد شونده ضروری و تهدید گیاهان توسط بیماری های جدید و استرس های غیر زنده، تقاضا جهت توسعه رقم های جدید و پایه های گونه های چوبی دایمی مختلف افزایش یافته است (Hormaza, 1999). تنوع زردآلو توسط Kostina در سال ۱۹۶۹ مطالعه شده بود و بعدها توسط Bailey Hough در سال ۱۹۵۷ بازنگری شد که بر طبق نظر او گروه زردآلوی اروپایی آخرین رده تقسیم بندی از نظر تنوع بوده و اغلب شامل رقم هایی بودند، که در اروپا و آمریکا رشد کرده بودند. مطالعات در این گروه با استفاده از تعدادی از ایزوزایم ها و صفات مرفولوژیکی صورت گرفت (Hurtado et al., 2002). طبق اصول اصلاحی، اصلاح زردآلو بوسیله دورگ گیری بخاطر دوره نونهالی طولانی و هتروزیگوتی بالا، خیلی کند است. با پیشرفت کشاورزی، انتقال صفات بوسیله انتقال ژن، روش جدیدی برای اصلاح زردآلو، بدون ایجاد دورگه گیری در ژنوم رقم های اصلی تجاری یا گزینش رقم های اصلاح شده جزو برنامه های اصلاحی سریع، قرار گرفت (Yong et al., 2004). با وجود تنوع کمتر اغلب پیشرفت هایی در اصلاح زردآلو از طریق دورگ گیری و گزینش داخل گروه اروپایی انجام شده است (Hormaza, 2002). بودزی و همکاران (۲۰۰۰) در طی پروژه هایی که به منظور شناسایی تکمیلی، جمع

آوری و ارزیابی مقدماتی زردآلوی بومی ایران در استان های تهران، البرز، کهگیلویه و بویر احمد و سمنان انجام گردید، بیش از ۱۴۰ ژنوتیپ از استان های مورد بررسی شناسایی و جمع آوری نمودند. در سال های اخیر، دلیل اصلی اصلاح رقم های جدید زردآلو این بود که اغلب رقم های زردآلو نیازهای خاص اکولوژیکی دارند که نمی توان این ژنوتیپ ها را در یک ناحیه وسیع کشت کرد. بنابراین، تولید تجاری زردآلو در برخی موقعیت ها، زمانی که یک یا دو رقم مسئول تولید میوه هستند، محدود می شوند.

(Hormaza, 2002). برخی از صفات مورفولوژیکی، که ممکن است بیشتر تحت تأثیر شرایط محیطی، زمانی از سال یا سن درخت باشد، اغلب برای تشخیص رقم ها استفاده می شوند. بعلاوه، زردآلوه‌ها می توانند به اقلیم های ویژه کوچک^۱ سازگار شوند و تظاهر صفات مختلف مورفولوژیکی بصورت معنی داری با جابجایی از یک اقلیم کوچک به اقلیم دیگر تفاوت پیدا کند، به همین دلیل، شناسایی رقم براساس صفات ثابت همانند استفاده از نشانگر های مولکولی ضرورت پیدا کرد (Habu et al., 2006).

صرف نظر از خصوصیات مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی که هر دو براساس فنوتیپ گیاه است، آنالیز ژنتیکی بوسیله نشانگر های مولکولی جهت تعیین ویژگی های رقم و همگروه بخاطر چند دلیل خیلی مهم است:

- ۱- تعداد نامحدود و وراثت پذیری کم صفات فنوتیپی
- ۲- عدم تمایز دقیق بین رقم های مختلف قبل از رسیدن گیاه به فاز بلوغ
- ۳- عدم تشخیص رقم های مشخص هنگامیکه گیاهان کشت شده بصورت کشت درون شیشه ای تکثیر می شوند. نشانگر های مولکولی به تنهایی نمی توانند ویژگی های اقتصادی رقم را تعیین کنند اما آنها روابط ژنتیکی در بین رقم ها و هم گروه ها را با دقت بیشتری تشخیص می دهند (Balta et al., 2002). مزیت عمده تکنیک RAPD-PCR عدم نیاز به اطلاعات اولیه در

گرفتند که صفات گل و میوه بدلیل یکساله بودن اندازه گیری ها و میوه ندادن برخی از درختان بصورت جداگانه آنالیز و سایر صفات با توجه به اندازه گیری دو ساله نیز جداگانه آنالیز گردید. اندازه گیری صفات کمی و کیفی برای صفات مختلف به روشهای متفاوت و مناسب هر یک انجام شد. اکثر صفات بر اساس نمره دهی و نظر خواهی و کددهی آنها بر اساس دیسکریپتور UPOV انجام شد. این صفات در جدول ۱ ارائه شده اند.

ارزیابی مولکولی

استخراج DNA از نمونه های برگ با استفاده از روش دوپل در آزمایشگاه دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات تهران صورت گرفت (Doyle & Doyle, 1987). کمیت و کیفیت DNA بدست آمده با استفاده از روش اسپکتروفتومتری در طول موج های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر و الکتروفورز DNA در ژل آگارز با غلظت یک درصد مشخص گردید و به کمک آنها غلظت یکسان از آنها (۵ نانوگرم در میکرولیتر) آماده شد. برای انجام آزمایشات RAPD تعداد ۴۰ آغازگر تصادفی مورد استفاده قرار گرفت (جدول ۴). واکنش زنجیره ای پلی مرز با حجم ۲۵ میکرولیتر شامل بافر واکنش PCR $1\text{ }\mu\text{l}$ MgCl_2 ، $0.5\text{ }\mu\text{l}$ dNTPs، $1/25\text{ }\mu\text{l}$ از هر آغازگر، $0.4\text{ }\mu\text{l}$ از آنزیم Taq DNA polymerase، $2\text{ }\mu\text{l}$ از DNA الگو بود.

چرخه های حرارتی شامل $94\text{ }^\circ\text{C}$ برای واسرشت سازی اولیه به مدت ۴ دقیقه، تعداد ۳۵ چرخه به صورت $92\text{ }^\circ\text{C}$ به مدت ۱ دقیقه، دمای اتصال $37\text{ }^\circ\text{C}$ به مدت ۱ دقیقه و $72\text{ }^\circ\text{C}$ به مدت ۲ دقیقه تکثیر قطعات و در نهایت یک چرخه $72\text{ }^\circ\text{C}$ به مدت ۵ دقیقه برای تکمیل بسط با استفاده از دستگاه ترمو سایکلر Bio Rad - انجام شد. محصولات تکثیر توسط ژل آگارز $1/2$ درصد تفکیک و با دستگاه ژل داگ عکس برداری شد. آنالیز کلاستر داده های مورفولوژیکی با استفاده از نرم افزار SPSS و روش Between groups linkage انجام شد. تجزیه کلاستر داده های RAPD چند شکلی ارقام بر اساس حضور باند (یک) و عدم حضور باند (صفر) با استفاده از نرم افزار NTSYS (ver 2.02) و استفاده از ضریب تشابه جاکارد (Jacard's Similarity Coefficient) محاسبه گردید.

مورد توالی DNA ژنومی، سادگی روش و مقدار کم DNA مورد نیاز جهت بررسی گونه ها می باشد و از جمله معایب آن می توان به تکرار پذیری نشانگرهای RAPD اشاره کرد. مطالعات مولکولی جهت شناسایی و ارزیابی روابط خویشاوندی ارقام زردآلو در کشورهای مختلف با استفاده از نشانگرهای مولکولی از قبیل RFLP، AFLP، SCAP، RAPD و SSR انجام گرفته است (Sánchez-Pérez et al., 2006). مطالعات مولکولی اولیه در زردآلو بوسیله ایزوزایم، RFLP و RAPD انجام شد و اخیراً مطالعات جدید بوسیله سایر روش های مولکولی انجام شده است (Sánchez-Pérez et al., 2006 & Sánchez-Pérez et al., 2006). این پژوهش طی سالهای ۸۷-۸۸ به منظور بررسی خصوصیات مورفولوژیکی، پومولوژیکی و ژنتیکی تعدادی از ژنوتیپ های انتخابی زردآلو جمع آوری شده از برخی نقاط کشور ایران صورت گرفت.

مواد و روش ها

مواد گیاهی

در این تحقیق از ۳۲ رقم و ژنوتیپ زردآلو استفاده شد که از باغ تحقیقاتی موسسه نهال و بذر واقع در کمال شهر کرج تهیه گردیدند. همه ارقام مورد مطالعه، بجز دو رقم شاهد (کانی نو و بلغار)، بومی ایران بودند که از نقاط مختلف کشور جمع آوری و تکثیر شده بودند. درختان مورد آزمایش چهار ساله و پایه این درختان از نوع زردآلوی بذری می باشد.

ارزیابی صفات مورفولوژیکی

برداشت میوه ها به شکل تصادفی از قسمتهای مختلف درختان و قبل از ظاهر صورت گرفت. زمان برداشت میوه ها بر اساس تغییرات رنگ، ظاهر میوه و مزه آن انتخاب گردید. از هر رقم سه تکرار برای کلیه صفات مورد بررسی قرار گرفت که دو رقم و پنج ژنوتیپ از درختان بدلیل نداشتن میوه اندازه گیری نشدند.

برگ ها نیز به شکل تصادفی در سه تکرار در تابستان (اواسط مرداد) جمع آوری و در بهار نیز از هر رقم ۲۰ عدد گل جهت اندازه گیری جمع آوری شد و در نهایت میانگین صفات میوه و برگ در ارقام مختلف برآورد و برای آنالیز های چند متغیره مورد استفاده قرار

نتایج و بحث

صفات مورفولوژیکی

نتایج حاصل از مقایسه میانگین ها با استفاده از صفات مورفولوژیکی نشان داد که ژنوتیپ شماره ۵۸ شاهرود با میانگین وزن میوه ۵۳/۱۲ و پس از آن حس گلی (ژنوتیپ بومی) با میانگین ۵۰/۷۳ دارای بالاترین وزن میوه و ژنوتیپ طبرزه مرند با ۷/۶۵ دارای کمترین وزن میوه بودند. وزن هسته نیز در ارقام و ژنوتیپ های مورد بررسی دارای تفاوت کاملا معنی داری بودند بطوریکه رقم حس گلی با ۴/۱۵ دارای بالاترین و رقم شمس ۱ با ۱/۱۲ و طبرزه مرند با ۱/۱۷ دارای کمترین وزن هسته بودند. ضرایب همبستگی ساده بین صفات نشان داد که برخی از صفات اندازه گیری شده همبستگی مثبت یا منفی معنی داری با هم دارند. شکل

گلبرگ با قطر گل و موقعیت کلاله نسبت به بساک در سطح یک درصد همبستگی مثبتی نشان داد ولی قطر گل با رنگ قسمت زیرین گلبرگ همبستگی منفی داشت و ارقامی با قطر گل بیشتر مانند کانی نو، طبرزه مرند، اردوباد و KBSR4 گلبرگهای تیره تری داشتند. توان درخت با عادت رشدی درخت، میزان شاخه زایی، توزیع جوانه های گل درخت در سطح پنج درصد همبستگی مثبت نشان داد. میزان شاخه زایی با توزیع جوانه های گل درخت در سطح یک درصد همبستگی مثبت نشان داد. تجزیه کلاستر بر اساس ۲۰ فاکتور اصلی صورت گرفت. در فاصله ۲۵ ارقام و ژنوتیپ ها به دو گروه اصلی تقسیم میشوند. گروه اول: این گروه بیشترین ارقام را به خود اختصاص داده است.

جدول ۱ - صفات اندازه گیری شده میوه، برگ، گل و درخت ارقام و ژنوتیپ های زردآلو و علائم اختصاری و واحد اندازه گیری

ردیف	صفت	علامت اختصاری	واحد	میانگین	حداقل	حداکثر	ضریب تغییرات
۱	توان درخت	TV	کد	۵/۴۵*	۱	۹	۱/۵۱
۲	عادت رشدی درخت	THA	کد	۳/۴۸*	۱	۶	۱/۰۵
۳	میزان شاخه زایی درخت	TDB	کد	۵/۱۷*	۳	۷	۱/۵
۴	توزیع جوانه های گل درخت	TDFB	کد	۱/۸۲*	۱	۳	۰/۵۱
۵	رنگ در قسمت آفتابی ساقه یکساله	OYOSHCCS	کد	۱/۷۸*	۱	۳	۰/۶۳
۶	طول پهنک برگ	LBL	میلی متر	۶/۹۳*	۳/۵	۱۰/۱۲	۱/۱۳
۷	عرض پهنک برگ	LBW	میلی متر	۶/۴۲*	۳/۶	۹/۳	۱/۰۹
۸	نسبت طول به عرض برگ	LBRLW	میلی متر	۲/۲۱*	۰/۸۷	۹	۲/۰۶
۹	شدت رنگ سبز بالای برگ	LBIGCUS	کد	۴/۸۵*	۳	۷	۱/۳۴
۱۰	شکل پایه پهنک برگ	LBSHB	کد	۲/۷۹*	۱	۴	۰/۸۹
۱۱	زاویه قسمت انتهایی برگ	LBAAT	کد	۲/۶۴*	۱	۴	۰/۸۲
۱۲	طول نوک برگ	LBLT	کد	۴/۳۰*	۱	۷	۱/۶۷
۱۳	برش حاشیه برگ	LBIM	کد	۳/۰۸*	۱	۴	۱/۰۷
۱۴	حالت تموجی حاشیه برگ	LBUM	کد	۴/۲۶*	۳	۷	۱/۲۸
۱۵	پروفیل در برش عرضی برگ	LBPCS	کد	۱/۵۳*	۱	۳	۰/۵۵
۱۶	طول دمبرگ	PL	میلی متر	۳/۳*	۱/۴۶	۵/۲۶	۰/۷۹
۱۷	نسبت طول پهنک به طول دمبرگ	LRLBLP	کد	۶/۶*	۳	۷	۰/۹۱
۱۸	ضخامت دمبرگ	PTH	میلی متر	۱/۱۵*	۰/۱	۷	۲/۰۵
۱۹	رنگ آنتوسیانین در بالای دمبرگ	PACUS	کد	۴*	۳	۷	۱/۴۱
۲۰	فراوانی تعداد نوشگاه های دمبرگ	PPNN	کد	۲/۰۵*	۱	۳	۰/۷۴
۲۱	اندازه نوشگاه های دمبرگ	PSN	کد	۴/۱۱*	۳	۷	۱/۲۵
۲۲	قطر گل	FD	میلی متر	۲/۸۲*	۱/۹۹	۳/۹۴	۰/۲۹
۲۳	موقعیت کلاله نسبت به بساک	FPSRA	کد	۱/۰۶*	۰	۳	۰/۹۵
۲۴	شکل بجز چگالی گلبرگ	PSH	کد	۱/۹۸*	۱	۳	۰/۷۹
۲۵	رنگ در قسمت زیرین گلبرگ	PCLS	کد	۱/۷۳*	۱	۳	۰/۵۸
۲۶	وزن میوه	FWTF	گرم	۲۸/۷۵*	۶/۹۳	۵۴/۸۲	۱۰/۲۹
۲۷	وزن هسته	SWTS	گرم	۲/۰۶*	۱/۰۲	۴/۳۱	۰/۶۶
۲۸	ارتفاع میوه	FHEI	میلی متر	۷/۵۳*	۳۹/۱	۲/۰۴	۱۰/۱۳
۲۹	پهنای جانی میوه	FLW	میلی متر	۷/۳۷*	۲/۲	۳۷/۳	۱۰/۰۸
۳۰	میزان کلرفیل	LBCLO	--	۱۷/۷*	۲/۷۲	۳۲/۳	۵/۹

*معنی دار در سطح ۵ درصد، **معنی دار در سطح ۱ درصد

رضاییه، KBD1M2، KBD2M7، KBD2M12، KBD1M3، KBD1M5، KBD3M7، KBALM1، شکرپاره، اردوباد، شمس، KBD5M15 و شمس ۲ قرار گرفتند. تمامی ارقام فوق الذکر از نظر ارتفاع میوه، قطر

در این گروه ارقام چین کلاخی، شماره ۵۸ شاهرود، نوری، شماره ۲۹ شاهرود، ازقندی، KBSR4، شماره ۳۷ شاهرود، KBALM3، حس گلی، طبرزه مرند، KBSR6، شماره ۳۳ شاهرود، کانی نو، بلغار، KBSR7،

برگ بشکه ای، قدرت رشد متوسط درخت، عادت رشدی گسترده، شکل گلبرگ مدور، حاشیه برگ مضرس است که این ارقام را از بقیه ارقام جدا کرده است.

گل و ضخامت دمبرگ شباهت زیادی داشتند. گروه دوم: در این گروه چهار رقم از کل ارقام قرار گرفتند. این ارقام نادری، قربان، شماره ۱۳ شاهرود، شماره ۳۲ شاهرود می باشند. از خصوصیات مهم آنها داشتن شکل پهنک

جدول ۲ - میانگین صفات اندازه گیری شده در ارقام زردآلو

ژنوتیپ	شماره نمایش داده شده	منشا یا محل جمع آوری	نام محلی یا انتخابی	میزان کلرفیل	طول پهنک برگ (cm)	عرض پهنک برگ (cm)	نسبت طول پهنک به عرض برگ (cm)	طول دمبرگ (cm)	ضخامت دمبرگ (mm)	قطر گل (cm)	وزن میوه (gr)	وزن هسته (gr)	ارتفاع پهنای جانبی میوه (cm)
نادری	۱	کرج	نادری	۲۶/۲۵	۸/۳۴	۷/۲	۱/۱۵	۳/۸۲	۰/۱۶	۲/۷۷	۲۰/۸۵	۲/۳۷	۳۴/۸
شماره ۳۳	۲	شاهرود	شاهرود	۱۹/۶۵	۷/۱۲	۶/۹۴	۱/۰۲	۴/۱۵	۰/۱۲	۲/۸۵	۲۵/۷۵	۱/۷۸	۳/۵۴
شماره ۳۲	۳	شاهرود	شاهرود	۲۷/۶۵	۶/۳۳	۵/۷	۱/۱۲	۳/۴۱	۲/۹	۲/۹۵	۳۹/۴۶	۲/۹۴	۳/۵۱
شمس ۱	۴	کرج	شمس	۹/۸۵	۷/۳۱	۶/۵۵	۱/۱۱	۳/۵۶	۱/۹	۳/۰۴	۲۱/۳۱	۱/۱۲	۳/۴۶
KBSR4	۵	کرج	سفید	۱۶/۷۱	۷/۳۴	۶/۲۵	۱/۱۷	۳/۲۵	۲/۲۴	۲/۶۳	۲۹/۷۹	۱/۸۷	۴/۶۲
کانی نو	۶	وارداتی	ایتالیا	۲۰/۴	۸/۳	۷/۷۹	۱/۰۵	۴/۵۲	۰/۱۶	۳/۱۶	۲۴/۳۳	۱/۹۱	۳/۶۶
طبرزه	۷	آذربایجان	طبرزه مرند	۱۹/۶۵	۷/۵۴	۶/۹۸	۱/۰۷	۲/۵	۰/۱۵	۳	۷/۶۵	۱/۱۷	۲/۳۲
KBSR6	۸	شهریار	سفید	۱۹	۸/۲۵	۷/۱۳	۱/۱۶	۳/۸۵	۰/۱۶	۳/۰۶	۲۹/۲۷	۲/۳۶	۴/۴۶
شکر پاره	۹	کرج	شکرپاره	۱۰/۰۵	۸/۵۷	۷/۰۹	۱/۲۱	۳/۰۹	۰/۱۶	۲/۹۴	۲۲/۱۳	۱/۶۷	۳۵/۸۲
KBD5M15	۱۰	اصفهان	قیسی	۷/۷۵	۷/۴۶	۶/۹۸	۱/۰۶	۳/۸۴	۰/۱۴	۳/۰۱	۲۵/۶۹	۱/۸۵	۳/۱۸
شماره ۱۳	۱۱	شاهرود	شاهرود	۲۴/۲۵	۶/۹۸	۵/۷۷	۱/۲۱	۲/۸۳	۳/۵۷	۲/۶۴	۲۸/۶	۱/۷۲	۳/۳۶
بلغار	۱۲	وارداتی	بلغارستان	۱۵/۹	۷/۴۲	۷/۰۱	۱/۰۵	۴/۳۲	۰/۱۳	۲/۹۷	۲۸/۶۲	۲/۵۸	۴/۰۴
اردوباد	۱۳	آذربایجان	اردوباد	۱۱/۷	۸/۱۱	۷/۵۹	۱/۰۶	۴/۴۴	۰/۱۶	۳/۱۱	۱۸/۲	۱/۶	۳/۱۴
KBD3M7	۱۴	تهران	دماوندی	۱۹/۳۵	۷/۱۶	۵/۶۳	۰/۱۲	۴/۲۶	۰/۱۲	۲/۴۹	۱۶/۸۲	۱/۶۸	۳۲/۸۴
چین کلاغی	۱۵	خراسان	چین کلاغی	۱۸/۳۵	۶/۱۴	۶/۱۲	۱	۲/۶۴	۲/۵۷	۲/۶۳	۴۴/۶۶	۱/۹۲	۴/۰۶
KBSR7	۱۶	شهریار	سفید	۱۴/۱۵	۶/۹	۶/۷۵	۱/۰۱	۴/۰۶	۰/۱۵	۳/۱	۲۷/۸۶	۱/۸	۳/۱۹
نوری	۱۷	خراسان	نوری	۲۰/۲	۶/۸۸	۶/۲۷	۱/۱۱	۳/۰۱	۲/۵۸	۳/۰۴	۲۹/۸	۱/۵۳	۴/۲۸
قربان	۱۸	آذربایجان	قربان مراغه	۳۱/۸۵	۷/۳	۶/۳۳	۱/۱۶	۳/۱۲	۱/۹۱	۲/۷۷	۳۰/۲	۲/۰۳	۳/۶۴
شماره ۲۹	۱۹	شاهرود	شاهرود	۱۸/۷۵	۵/۲۷	۵/۰۲	۱/۰۱	۲/۴۵	۱/۵۷	۲/۴۹	۲۹/۵۶	۲/۶۴	۳/۵۳
شماره ۳۷	۲۰	شاهرود	شاهرود	۱۸/۷۵	۶/۸۴	۶/۱۹	۱/۱	۳/۰۵	۲/۲۴	۲/۶۱	۳۷/۲۵	۱/۸۳	۳/۹۸
رضایه	۲۱	ارومیه	ارومیه	۱۳/۷	۶/۹۷	۷/۱۳	۰/۹۷	۲/۹۸	۲/۲۴	۲/۷۴	۱۸/۱۱	۱/۹	۳/۱۳
KBALM3	۲۲	قزوین	دیررس	۱۸/۲	۶/۸۴	۵/۷۶	۱/۱۸	۳/۳۸	۳/۵۶	۲/۴	۳۳/۳۴	۲/۸	۳/۹۴
شمس ۲	۲۳	مشهد	شمس	۹/۸۵	۶/۸۸	۶/۴۴	۵/۷۵	۳/۳۲	۰/۱۵	۲/۴۵	-	-	-
شمس گلی	۲۴	شاهرود	شمس گلی	۱۷/۷	۷/۴۲	۷/۶۴	۰/۹۸	۴	۳/۵۷	۲/۹۷	۵۰/۷۳	۴/۱۵	۴/۲۵
ازقندی	۲۵	شاهرود	ازقندی	۲۱/۴	۵/۰۲	۴/۳۶	۱/۱۵	۲/۲	۱/۵۵	۲/۶۲	۲۶/۴۵	۱/۷۸	۳/۴۲
شماره ۵۸	۲۶	شاهرود	شماره ۵۸	۱۹/۵	۵/۹	۵/۶۴	۱/۰۴	۲/۷۹	۱/۸۹	۲/۷۲	۵۳/۱۲	۲/۶۶	۳/۸۸
KBD1M2	۲۷	تهران	دماوندی ۲	۱۲/۵	۵/۷۱	۶/۴۳	۳	۱/۹۱	۰/۱۳	۲/۶۳	-	-	-
KBD1M3	۲۸	تهران	دماوندی ۳	۱۴/۳۵	۶/۱۳	۵/۸	۵/۷۵	۲/۴۱	۵/۷۵	۲/۴۱	۳۱/۰۳	-	-
KBD1M5	۲۹	تهران	دماوندی ۵	۲۲/۲	۵/۸۳	۶/۰۱	۳/۲۳	۳/۲۳	۰/۱۲	۳/۲۸	-	-	-
KBD2M7	۳۰	تهران	دماوندی ۷	۱۶/۳	۵/۸۲	۵/۲	۵/۸۳	۲/۴۱	۰/۱۱	۲/۷۷	-	-	-
KBD2M12	۳۱	تهران	دماوندی ۱۲	۱۵/۵۵	۷/۱۸	۷/۲۲	۵/۷۵	۲/۹۱	۰/۱۵	۲/۸۲	-	-	-

ارقام بکار رفتند. از تعداد ۴۰ آغازگر آزمایش شده تعداد ۵ آغازگر یا هیچ گونه باندی تولید نکردند و یا اینکه باندهای تکثیر شده حاصل از آنها وضوح و قابلیت تکرار پذیری کافی را نداشتند. در ادامه ۳۵ آغازگر برای کار روی همه ارقام انتخاب شدند. همانطور که در جدول ۵ مشاهده می شود ۳۵ آغازگر مذکور مجموعاً ۴۷۹ قطعه DNA تولید کردند که از بین آنها تعداد ۳۲ قطعه یک شکل بودند و ۴۴۷ قطعه در بین ارقام چند شکلی نشان

تجزیه مولکولی

برای بررسی چند شکلی DNA بین ارقام زردآلو مورد آزمایش ۴۰ آغازگر تصادفی ده نوکلئوتیدی استفاده شد.

با بررسی باندهای تولید شده چند شکل روی پنج رقم متمایز کانی نو، بلغار، حس گلی، KBD1M2، KBALM3 آغازگرهای مناسب که باندهای چند شکل با تکرار پذیری بالا ایجاد کردند شناسایی و برای کلیه

دادند که حاکی از درصد بالای چند شکلی در بین ارقام مورد مطالعه می باشد.

جدول ۳- ضرایب همبستگی بین صفات اندازه گیری شده زردآلو و بکار رفته در تجزیه عامل ها

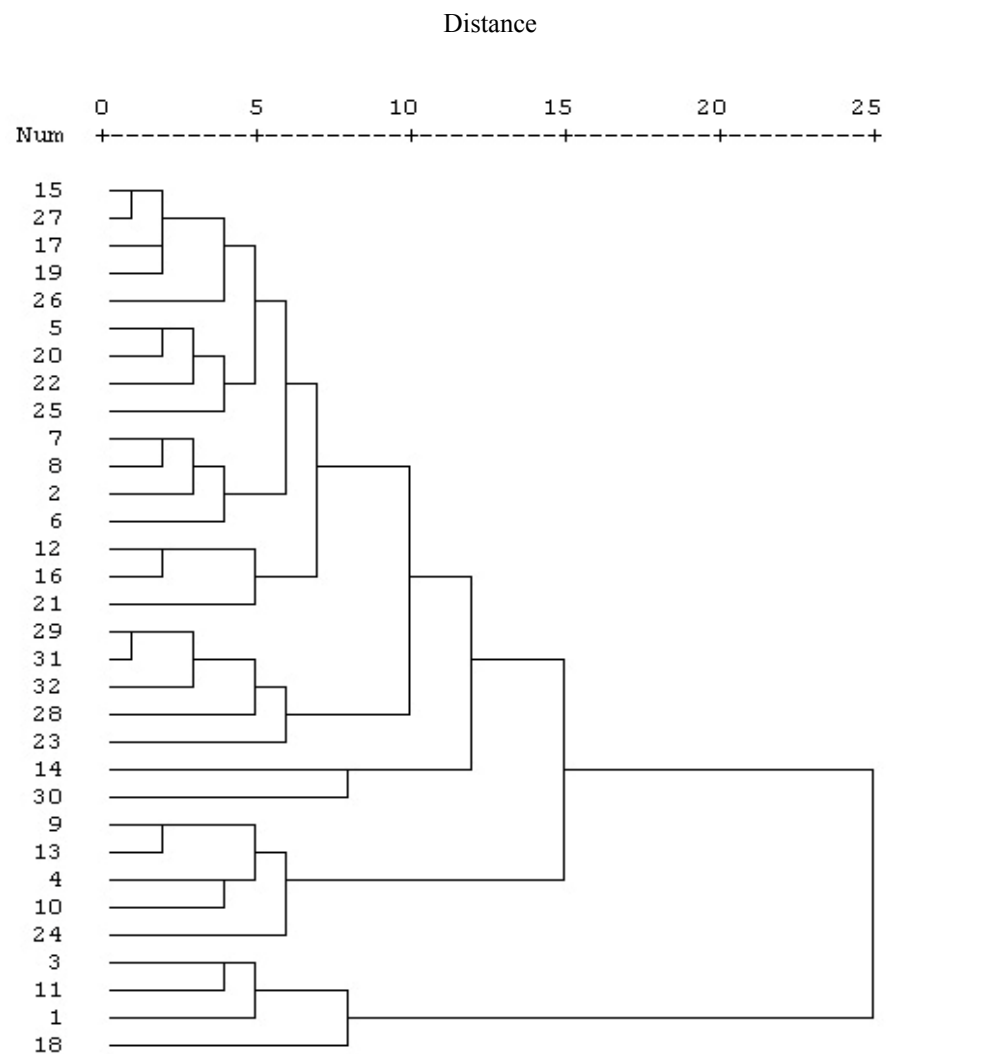
ردیف	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴	۱۵	۱۶	۱۷	۱۸	۱۹	۲۰	۲۱	
صفات اختصاصی	TV	THA	TDB	TDFB	OYOSHC	LBL	LBW	LBRLW	LBIGCUS	LBSHB	LBAAT	LBLT	LBIM	LBUM	LBPCS	PL	LRLBLP	PTH	PACUS	PPWN	PSN	
صفت	تول درخت	عادت	میزان شاخه زائی	توزیع جوانه های گل	نسبت تخت آنلی سله یکسکه	طول پهنک	عمق پهنک	نسبت طول به عمق پهنک	سبزپای پهنک	شکل پایه پهنک	زایه نسبت تخت	طول پهنک	پوش حلقه پهنک	حالت نخعی	پروپیل درونی	طول پهنک به عمق	طول پهنک به عمق	عمق شکفت	رنگ نوسپین	تعداد ی تعداد	نشانه های درختی	نشانه های درختی
TV	۱																					
THA	0.21*	۱																				
TDB	0.56*	0.67*	۱																			
TDFB	0.22*	0.18*	0.18*	۱																		
OYOSHC	0.02*	0.19*	0.19*	0.19*	۱																	
LBL	0.16**	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱																
LBW	0.13*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱															
LBRLW	0.4*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱														
LBIGCUS	0.03*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱													
LBSHB	0.09**	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱												
LBAAT	0.06*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱											
LBLT	0.1*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱										
LBIM	0.03*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱									
LBUM	-0.01*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱								
LBPCS	-0.21*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱							
PL	0.17**	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱						
LRLBLP	0.06*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱					
PTH	-0.1*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱				
PACUS	-0.02*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱			
PPWN	-0.15*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱		
PSN	-0.13*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	0.19*	۱	

** معنی دار در سطح احتمال ۱ درصد و معنی دار در سطح احتمال ۵ درصد ns عدم اختلاف معنی دار حروف اختصاری استفاده شده مطابق جدول ۱ می باشد.

شکلی مربوط به آغازگرهای Fermentaz B و Fermentaz C و Fermentaz D و Fermentaz G و Fermentaz I و OPA M13 و OPA R1 و OPA M12 و Fermentaz I و OPA 213 و OPA 289 و OPA 285 و OPA 211

تعداد قطعات تکثیر شده با آغازگرهای مختلف متفاوت بود بطوریکه بیشترین قطعه تکثیر شده ۲۳ عدد و مربوط به آغازگر Fermentaz C و کمترین آن ۴ عدد و مربوط به آغازگر OPA R1 بود. بیشترین درصد چند

در محدوده ۲۰۰ - ۳۰۰۰ جفت باز تخمین زده شد. OPA 214 و OPA 215 و Isojen 5 و A و E و F و H و I و J (شکل ۲ و ۳) بود. اندازه قطعات در تمام آغازگرها



شکل ۱ - گروه بندی ارقام زردآلو های مورد بررسی با استفاده از ۲۰ عامل اصلی (اسامی هر ژنوتیپ متناسب با شماره آن در جدول ۲ آورده شده است).

جدول ۴ - اسامی آغازگرهای مورد استفاده برای این آزمایش

دمای آنلینگ	توالی	اسامی آغازگرهای مورد استفاده
36	5' - CGG AGA GCG A - 3'	Fermentaze B
34	5' - CCG GCA TAG A - 3'	Fermentaze C
36	5' - TGG GCT CGC T - 3'	Fermentaze D
36	5' - CTG AGG AGT G - 3'	Fermentaze G
34	5' - ACT TGT GCG G - 3'	Fermentaze E
32	5' - GGT CAA CCC T - 3'	Fermentaze H
36	5' - GCG GGA GAC C - 3'	Fermentaze I
34	5' - CTG CTG GGA C - 3'	Isojen 3
34	5' - ACC CTC GGA C - 3'	Isojen 5
34	5' - CCC AGG CTA C - 3'	Isojen 4
32	5' - GTT GCG ATC C - 3'	Isojen 1
36	5' - ACG GCC GAC C - 3'	OPA 208
36	5' - CGG CCA CCG T - 3'	OPA 283
36	5' - TTG GCA CGG G - 3'	OPA d ₇

جدول ۵ - آغازگرهای تصادفی ۱۰ نوکلئوتیدی مورد استفاده برای تعیین تنوع ژنتیکی ۳۲ رقم و ژنوتیپ زردآلو و درصد چند شکلی حاصل از هر کدام

ردیف	آغازگر	توالی ۳' → ۵'	تعداد کل قطعات تکثیر شده (a)	تعداد قطعات چند شکل (b)	درصد چند شکلی (b/a)
۱	Fermentaz B	CGGAGAGCGA	۱۵	۱۵	۱۰۰
۲	Fermentaz C	CCGGCATAGA	۲۳	۲۳	۱۰۰
۳	Fermentaz D	TGGGCTCGCT	۱۵	۱۵	۱۰۰
۴	Fermentaz G	CTGAGGAGTG	۱۶	۱۶	۱۰۰
۵	Fermentaz E	ACTTGTGCGG	۲۱	۲۰	۹۵/۲۲
۶	Fermentaz H	GGTCAACCCT	۱۲	۱۰	۸۳/۳۲
۷	Fermentaz I	GCGGGAGACC	۱۵	۱۵	۱۰۰
۸	OPA208	ACGGCCGACC	۱۸	۱۳	۷۲/۳۲
۹	OPA 283	CGGCCACCGT	۱۹	۱۸	۹۴/۷۳
۱۰	OPA d ₇	TTGGCACGGG	۱۶	۱۵	۹۳/۷۵
۱۱	OPA M ₁₂	GGGACGTTGG	۱۶	۱۶	۱۰۰
۱۲	OPA R ₁	CCGGCCTTAG	۴	۴	۱۰۰
۱۳	OPA M ₁₃	GGTGGTCAAG	۱۶	۱۶	۱۰۰
۱۴	OPA 203	CACGGCGAGT	۱۰	۹	۹۰
۱۵	OPA 211	GAAGCGCGAT	۱۳	۱۳	۱۰۰
۱۶	OPA 213	CAGCGAACTA	۱۳	۱۳	۱۰۰
۱۷	OPA 289	ATCAAGCTGC	۹	۹	۱۰۰
۱۸	OPA 12	CCTGGGCCTC	۱۷	۱۴	۸۲/۳۵
۱۹	OPA 285	GGGCGACTAG	۱۵	۱۵	۱۰۰
۲۰	OPA 215	TCACACGTGC	۱۷	۱۷	۱۰۰
۲۱	OPA 214	CATGTGCTTG	۱۳	۱۳	۱۰۰
۲۲	A	GGTCTCCTAG	۷	۷	۱۰۰
۲۳	B	CGGAGAGCGA	۲۰	۱۵	۷۵
۲۴	C	CCGGCATAGA	۱۲	۱۱	۹۱/۶۶
۲۵	D	TGGGCTCGCT	۱۳	۱۲	۹۲/۳
۲۶	E	ACTTGTGCGG	۱۰	۱۰	۱۰۰
۲۷	F	CCCCTGACG	۶	۶	۱۰۰
۲۸	G	CTGAGGAGTG	۱۲	۹	۷۵
۲۹	H	GGTCAACCCT	۱۴	۱۴	۱۰۰
۳۰	I	GCGGGAGACC	۹	۹	۱۰۰
۳۱	J	CCTCACCTGT	۶	۶	۱۰۰
۳۲	Isojen 1	GTTGCGATCC	۱۲	۱۰	۸۳/۳۲
۳۳	Isojen 3	CTGCTGGGAC	۲۲	۱۸	۸۱/۸۱
۳۴	Isojen 5	ACCCTCGGAC	۱۲	۱۲	۱۰۰
۳۵	Isojen 4	CCCAGGCTAC	۱۱	۹	۸۱/۸۱
کل	-	-	۴۷۹	۴۴۷	-
میانگین	-	-	۱۳/۶۸	۱۲/۷۷	۹۴/۰۷

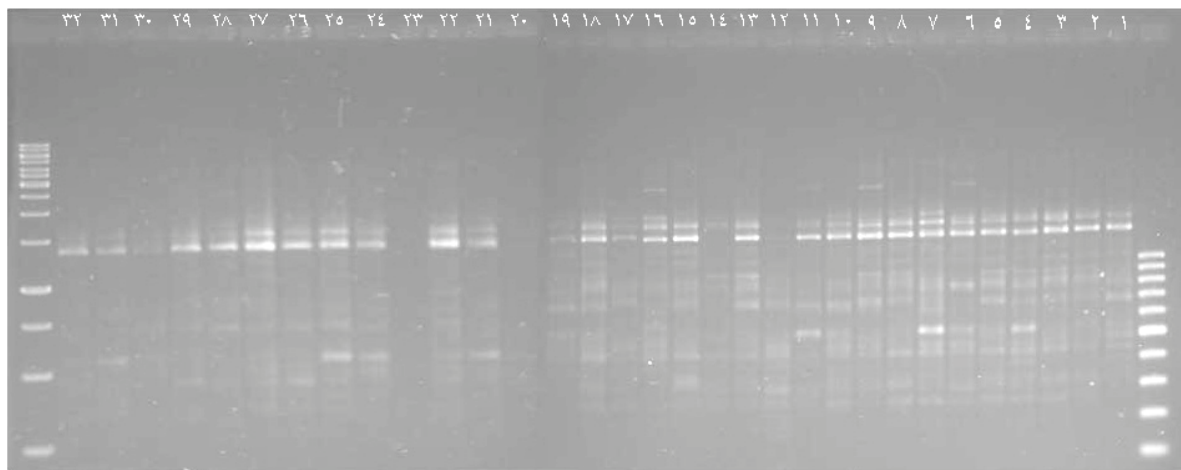
دلایل انتخاب ارقام زردآلو برای این تحقیق این بود که تنوع زردآلو در ایران بالا است و تا کنون در ایران تنوع ژنتیکی زردآلو با استفاده از نشانگرهای مولکولی انجام نشده بود.

ارقام بلغار و کانی نو جزء ارقام خارجی بودند که همراه با ارقام بومی ایران آنالیز شدند. آنالیز RAPD، رقم بلغار را کاملاً از ارقام دیگر جدا کرده و در یک گروه مجزا از بقیه ارقام قرار داده است و این بیانگر این مطلب است که این رقم از نظر ژنتیکی کاملاً با ارقام بومی ایران

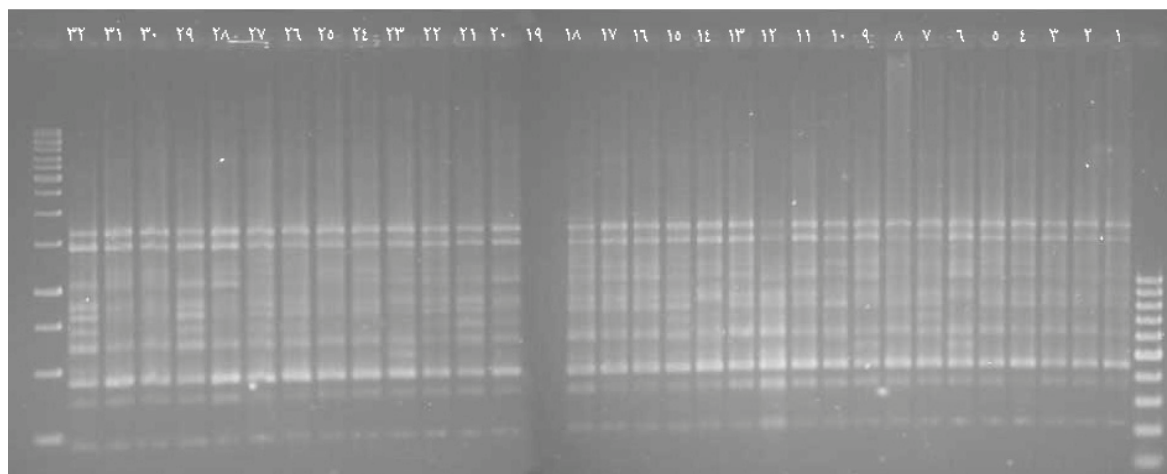
استفاده از نشانگرهای ژنتیکی مبتنی بر DNA کافی و قابل اعتماد است، بخصوص در مورد گونه‌هایی با تنوع ژنتیکی بالا مثل هلوها، شلیل‌ها و بادام‌ها، نشانگرهای DNA می‌توانند با صفات جالب توجهی پیوسته شده باشند (Raddova' et al., 2003). نشانگر مولکولی RAPD برای بررسی تنوع ژنتیکی شمار زیادی از گیاهان نظیر هلو، زیتون، انار، بادام و سیب‌بکار رفته (Besnard et al., 2001) و مقادیر متفاوتی چند شکلی از ۶۰ تا ۸۰ درصد بدست آمده است. یکی از

گروه بندی مولکولی منشا جغرافیایی و خارجی بودن آن باشد.

متفاوت است و این در حالی است که داده های مورفولوژیکی نتوانستند این رقم را از سایر ارقام جدا کنند. شاید دلیل جدا شدن رقم بلغار از این ارقام در



شکل ۲ - الگوی بانندی حاصل از تکثیر DNA ۳۲ رقم و ژنوتیپ زردآلو با استفاده از آغازگر Fermentaz C



شکل ۳ - الگوی بانندی حاصل از تکثیر DNA ۳۲ رقم و ژنوتیپ زردآلو با استفاده از آغازگر OPA 208

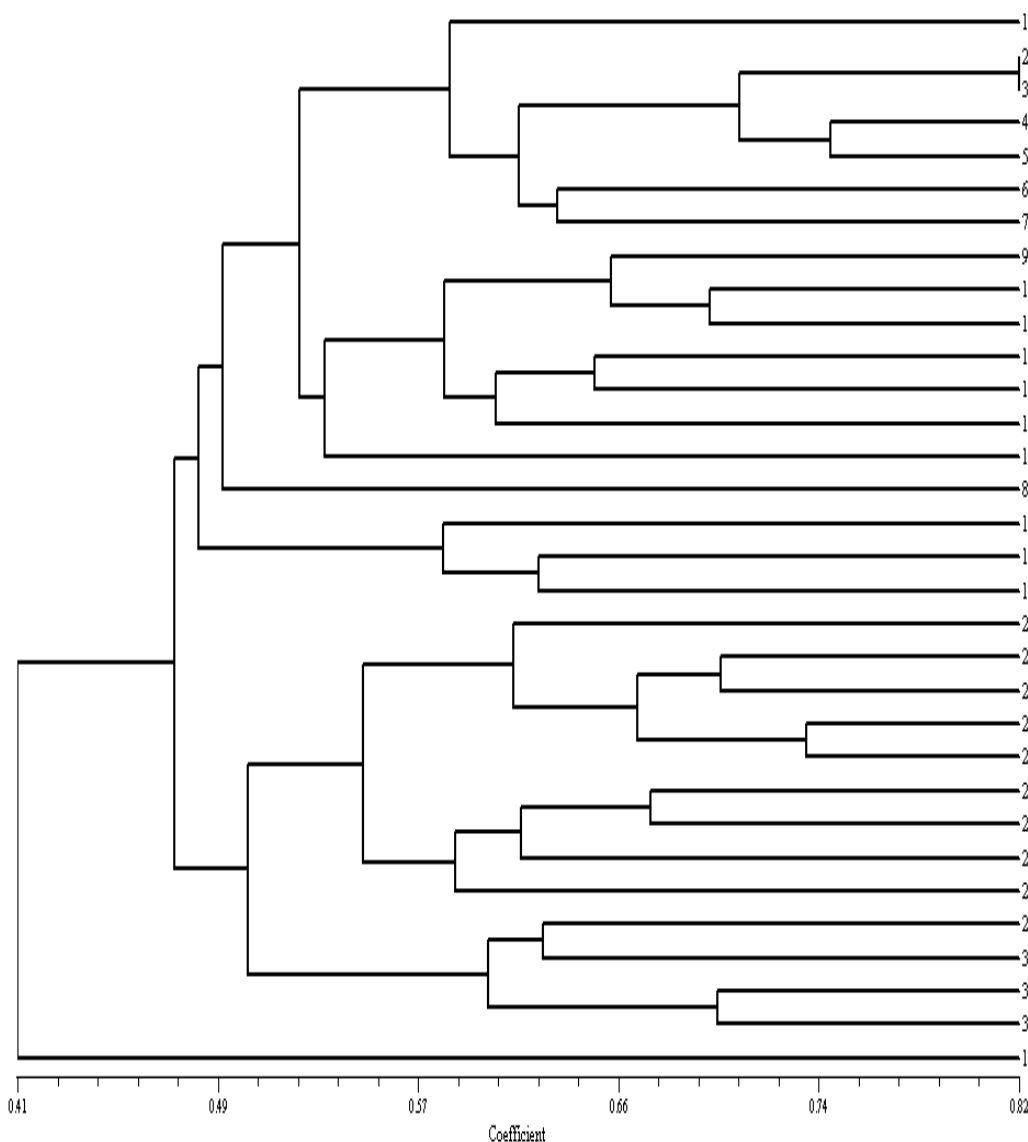
در گروه بندی ارقام بر اساس داده های RAPD، ارقام چین کلاگی و نوری با هم شباهت داشته و در یک گروه قرار گرفتند. در صورتیکه رقم ازقندی در گروه جداگانه ای گروه بندی شده است. بنابراین، این امکان وجود دارد که رقم ازقندی از منطقه دیگری به مشهد منتقل شده باشد.

رقم شمس ۲ که از مشهد آورده شده در گروه بندی به کمک داده های مورفولوژیکی در گروه کاملاً جداگانه ای با ارقام چین کلاگی، نوری و ازقندی قرار گرفته، در صورتیکه از نظر ژنتیکی با رقم ازقندی در یک گروه قرار

بر اساس نتایج مشاهده شده، اغلب ارقام اروپایی خود گشن و ارقام آسیایی دگر گشن بودند و نیاز به برده دهنده مناسب دارند. جدا شدن دو رقم بلغار و KBSR7 این فرضیه را بوجود می آورد که احتمالاً این دو رقم خود گشن هستند.

ارقام چین کلاگی، نوری و ازقندی از نظر مورفولوژیکی در یک گروه قرار گرفتند. این ارقام از نظر شدت رنگ سبز بالای دمبرگ، نسبت طول به عرض برگ، سطح مقطع عرضی برگ، فراوانی تعداد نوشگاه های دمبرگ و ضخامت دمبرگ کاملاً با هم مشابه بودند.

دارند. این نتیجه نشان می دهد که این دو رقم شباهت بیشتری با هم دارند ولی چون از سایر ارقام مشهدی جدا شده اند احتمال می رود که منطقه جغرافیایی آنها با دو رقم چین کلاغی و نوری متفاوت باشد.



شکل ۴ - دندروگرام حاصل از داده های نشانگرهای RAPD مربوط به ۳۲ رقم و ژنوتیپ زردآلوی مورد آزمایش به روش UPGMA (اسامی ژنوتیپ ها در جدول ۲ آورده شده است).

یک زیر گروه قرار گرفته اند و این نشان می دهد که داده های مورفولوژیکی با داده های مولکولی مطابقت ندارد.

ارقام KBALM3 ، KBSR7 ، KBD3M7 ، شکر پاره و شمس ۱ در کلاستر صفات مورفولوژیکی در یک گروه قرار گرفته اند. این ارقام از نظر صفات میزان شاخه زایی درخت و توزیع جوانه های گل درخت مشابه بودند.

از نظر منشأ جغرافیایی ارقام نادری ، شمس ۱ ، شکر پاره ، KBD3M7 ، KBSR6 و KBALM3 از مناطق مختلف استان تهران جمع آوری شده اند. در گروه بندی ارقام به کمک داده های مورفولوژیکی رقم نادری از سایر ارقامی که از تهران جمع آوری شده اند ، جدا شده است و در گروه مستقلی قرار گرفته است. در صورتیکه بر اساس داده های RAPD رقم نادری با رقم شمس ۱ در

گل، شکل پایه پهنک برگ، ضخامت دمبرگ، موقعیت کلاله نسبت به بساک و رنگ قسمت زیرین گلبرگ با هم مشابه بودند.

ارقام اردوباد و قربان نیز در گروه دیگری قرار گرفتند که از خصوصیات کمی و کیفی مشابهی که با هم داشتند میتوان به عادت رشدی درخت، شکل پایه پهنک برگ، پروفیل در برش عرضی برگ، فراوانی تعداد نوشگاه دمبرگ، موقعیت کلاله نسبت به بساک و ارتفاع میوه اشاره کرد. پنج ژنوتیپ KBD1M2، KBD1M3، KBD1M5، KBD2M7 و KBD2M12 از مناطق مختلف دماوند جمع آوری شده اند. بر اساس کلاستر بدست آمده از داده های مورفولوژیکی هر پنج ژنوتیپ در یک گروه قرار گرفته اند و خصوصیات مورفولوژیکی مشابهی با ارقام KBALM1 و KBD3M7 دارند. در گروه بندی بر اساس داده های RAPD، همانند گروه بندی مورفولوژیکی، هر پنج ژنوتیپ نام برده شده در یک گروه قرار دارند ولی ژنوتیپ KBD1M2 در زیر گروه جداگانه ای قرار گرفته است.

ژنوتیپ های KBD1M2، KBD1M3، KBD1M5، KBD2M7، از نظر خصوصیات کمی و کیفی همچون برش حاشیه برگ، فراوانی تعداد نوشگاه های دمبرگ و اندازه نوشگاه های دمبرگ مشابه یکدیگر می باشند.

ژنوتیپ ۱۳ بر اساس داده های مولکولی با KBD5M15 شباهت خیلی زیادی دارد و در یک زیر گروه قرار گرفته اند. از نظر خصوصیات کمی و کیفی نیز تا حدودی با هم شباهت دارند. بنابراین، این امکان وجود دارد که ژنوتیپ ۱۳ نیز از منطقه اصفهان باشد.

ژنوتیپ های ۳۲ و ۳۳ از نظر داده های RAPD بهم شبیه هستند ولی از آنجاییکه منشأ جغرافیایی آنها نامشخص است، احتمال می رود هر دو از منشأ جغرافیایی مشابهی باشند.

رقم حس گلی و ژنوتیپ ۵۸ منشأ جغرافیایی شان نامشخص است و با رقم ازقندی در یک گروه هستند. با توجه به نتایج بدست آمده از این پژوهش می توان پیشنهاد کرد که ارقام حس گلی و ازقندی و ژنوتیپ ۵۸ از یک منطقه جغرافیایی منشأ گرفته باشند.

در تحقیقی ۱۹ رقم زردآلو را با استفاده از نشانگر مولکولی RAPD مورد شناسایی قرار دادند و درصد پلی

این در حالیکه ارقام شمس ۱ و شکرپاره در زیر گروه مجزا از سایر ارقام قرار گرفتند.

در بررسی نتایج داده های ژنتیکی مشاهده میشود که ارقام نادری، شمس ۱، شکر پاره، KBD3M7 و KBSR7 در یک گروه قرار دارند در صورتیکه رقم دیررس از سایر ارقامی که از مناطق تهران جمع آوری شده اند، جدا شده است و با رقم رضاییه که از منطقه ارومیه آورده شده است، شباهت ژنتیکی خیلی نزدیکی دارد. بنابراین ممکن است این فرض وجود داشته باشد که دو رقم KBALM3 و رضاییه هر دو از یک منطقه جغرافیایی منشأ گرفته باشند. از ارقام و ژنوتیپ های مورد بررسی در این پژوهش، دو رقم KBSR4 و رضاییه از مناطق آذربایجان غربی به موسسه تحقیقاتی شهرک بذر و نهال منتقل شده بودند که این ارقام از نظر بررسی داده های صفات مورفولوژیکی بهم شبیه بوده و در یک گروه قرار گرفته اند. این ارقام از لحاظ توان درخت، میزان شاخه زایی درخت، نسبت طول به عرض برگ، شدت رنگ سبز بالای برگ، ضخامت دمبرگ، فراوانی تعداد نوشگاه های دمبرگ، موقعیت کلاله نسبت به بساک، شکل گلبرگ و وزن هسته با هم شباهت هایی داشتند، در صورتیکه در گروه بندی بر اساس داده های RAPD، در دو گروه مجزا از هم قرار گرفته اند. جالب آنکه رقم سفید رضاییه با رقم شمس ۱ که از منطقه تهران آورده شده و رقم رضاییه با رقم KBALM3 کاملاً از نظر ژنتیکی با هم شباهت دارند.

ارقام KBSR6، KBALM1، اردوباد و قربان از مناطق آذربایجان شرقی جمع آوری شده اند. گروه بندی ارقام بر اساس داده های RAPD نشان داد که سه رقم اردوباد، KBSR6 و قربان در یک گروه قرار می گیرند، در صورتیکه رقم KBALM1 از بقیه ارقام جدا شده و در گروه جداگانه ای قرار می گیرند.

رقم KBALM1 و شمس ۲ از نظر ژنتیکی شباهت خیلی زیادی با هم دارند. بنابراین، این امکان وجود دارد که منشأ هر دو رقم از یک منطقه باشد. در صورتیکه در گروه بندی بر اساس خصوصیات کمی و کیفی ارقام KBSR6 و KBALM1 در یک گروه قرار گرفته اند که این ارقام از لحاظ صفات مورفولوژیکی عادت رشدی درخت، میزان شاخه زایی در درخت، توزیع جوانه های

در این مطالعه روابط معنی دار بعضی از صفات و برخی از نوارهای RAPD مشخص شد. این باندها می توانند در انتخاب نتاج حاصله از برنامه های اصلاحی کمک موثری بنمایند. همچنین در صورت همگروه سازی و توالی یابی آنها احتمالا اطلاعات مطلوبی از نظر ژنتیکی بدست آید.

نتیجه گیری کلی

با توجه به این تفسیرها تکنیک RAPD برای تخمین تنوع ژنتیکی مناسب به نظر می رسد ، ولی استفاده از نشانگرهای کارایی همچون SSR ، AFLP و غیره همراه با اطلاعات بیشتری از خصوصیات مورفولوژیکی این گیاه همچون خصوصیات خود درخت ، برگ ، گل و میوه کمک بیشتری برای تفکیک و گروه بندی ارقام زردآلو خواهد نمود. نتیجه مناسبی که از این تحقیق بدست آمد سطح چند شکلی بالا بین ارقام ایرانی و خارجی زردآلو بود که نشان می دهد ایران می تواند یکی از مراکز تنوع زردآلو باشد.

با توجه به مزایای RAPD و نتایج بدست آمده در این آزمایش ، توصیه می شود که جهت شناسایی مولکولی و مطالعه تنوع ژنتیکی و فیلوژنی و تکاملی زردآلو از این نشانگر استفاده شود. البته باید توجه داشت که استفاده همزمان از چندین تکنیک و ترکیب اطلاعات حاصل از چندین نشانگر به همراه اطلاعات شجره ای و مورفولوژیکی نتایج صحیح تری از روابط ژنتیکی نسبت به روش های جداگانه فراهم می کند. از طرفی دیگر به دلیل کارایی تکنیک RAPD و مزایایی از جمله سادگی و ارزان بودن آن ، بررسی ابتدایی منابع ژنتیکی زردآلو و دیگر گونه ها با استفاده از این روش امکان پذیر است ، لذا پیشنهاد می شود شناسایی ابتدایی و بررسی مقدماتی تنوع با این تکنیک صورت پذیرد.

مورفیسیم بالایی مشاهده کردند. در این مطالعه که با استفاده از ۳۵ آغازگر RAPD انجام شد ، مقدار ۷۹ درصد پلی مورفیسیم به دست آمد که نشان از تنوع بالا بین ارقام و ژنوتیپ های مورد آزمایش بود (Mariniello et al., 2002).

در این مطالعه در بعضی حالات مشخصات مشابهی بین کلاستر بندی بر اساس داده های مورفولوژیکی و کلاستر بندی بر اساس داده های RAPD مشاهده شد و در بسیاری حالات مانند تفاوت در گروه بندی از نظر منشا جغرافیایی و تفاوت از نظر صفات مولکولی و مورفولوژیکی با هم فرق داشتند. نتیجه ای که می توان از این تحقیق گرفت این است که آنالیز کلاستر مولکولی فقط در برخی حالات بر آنالیز کلاستر مورفولوژیکی منطبق بوده است. چندین مطالعه نتایج نشانگر های مولکولی و مورفولوژیکی را با هم مقایسه کرده و روابط بین این دو روش را پایین ارزیابی کرده اند (Legave et al., 2006). در پژوهشی دو دلیل را موثر در پایین بودن این رابطه دانستند. اول اینکه نشانگر های مولکولی نسبت به نشانگر های مورفولوژیکی بخش بزرگتری از ژنوم را پوشش می دهند که شامل نواحی کد شونده و نواحی غیر کد شونده است. دوم اینکه نشانگر های مولکولی در مقایسه با نشانگر های مورفولوژیکی در انتخاب مصنوعی قرار نمی گیرند (Semagn, 2002).

با توجه به محدوده وسیع تشابه ژنتیکی بین ارقام زردآلو می توان گفت که تنوع بین ارقام زردآلو مورد مطالعه قابل توجه بوده که شاید دلیل آن علاوه بر متفاوت بودن منشا جغرافیایی وجود ارقام داخلی و خارجی باشد. از دلایل احتمالی ایجاد تنوع می توان به استرس ها که اثر شدیدی در ساختار ژنوم گیاهی دارند و در نتیجه باعث تنوع می شوند ، اشاره کرد.

REFERENCES

1. Aradhya, K. M., Weeks, C. & Simon, J.CH. (2004) . Molecular characterization of variability and relationships among seven cultivated and selected wild species of *Prunus laurocerasus* using amplified fragment length polymorphism .*Scientia Horticulturae*, 103, 131–144 .
2. Balta , F. , Kaya , T, Yarılgac , T. , Kazankaya , A. , Balta , M.F. &Koyuncu , M.A. (2002) . Promising apricot genetic resources from the Lake Van Region .*Genetic Resources and Crop Evolution*,49, 409–413 .
3. Besnard , G., Baradat , Ph. , Chevalier , D. , Tagmount , A. &Bervill'e , A. (2001) . Genetic differentiation in the olive complex (*Olea europaea*) revealed by RAPDs and RFLPs in the rRNA genes. *Genetic Resources and Crop Evolution*,48, 165–182 .

4. Bouzari, N., Zaratgar, H. & Ahmadi J. (2000). *Identification, collection and evaluation of local apricot germplasm*. Final report of reaserch project Seed and plant improvement institute. Report code 88, 1622. 82 page. (in farsi)
5. Dejamoor , J. (2006) . *Study of self-incompatibility and select the best of polynizer in some of Apricot cultivars*.(Annual Report 2006). Agriculture and Natural resources institute, Azarbayjan – e – Sharghi. Iran. (In Farsi) .
6. Dirlewanger, E. , Pronier , V. , Parvery , C. , Rothan , C. , Guye , A. & Monet , R. (1998) . Genetic linkage map of peach [*Prunuspersica* (L.) Batsch] using morphological and molecular markers .*Theoretical and Applied Genetics*, 97, 888 -895 .
7. Doyle, J. J. & Doyle J. L . (1987) .A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bulletin*, 19, 11-15.
8. Food and agriculture organization. (2008). *Statistics: Production indices in FAO*. Retrieved January 10, 2008, from <http://www.fao.org/statistics>.
9. Habu, T., Kishida, F., Morikita, M., Kitajima, A. & Yamada, T. (2006) . A simple and rapid procedure for the detection of self-compatible individuals in Japanese Apricot (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.) using the loop-mediated isothermal amplification (LAMP) method. *Hortscience*, 41(5), 1156-1158.
10. Hakimi , J. (1996). *Growth of Apricot, Plum trees* (1th ed).Jahad Daneshgahe Orumihe Publishing(pp. 70 – 130). (In Farsi) .
11. Hormaza , J. I. (1999) . Early selection in cherry combining RAPDs with embryo culture. *Scientia Horticulturae*, 79, 121-126 .
12. Hormaza, J. I. (2002). Molecular characterization and similarity relationships among apricot(*Prunusarmeniaca* L.) genotypes using simple sequence repeats .*Theoretical and Applied Genetics*, 104, 321–328 .
13. Hurtado , M. A., Westman, A., Beek, E., Abbott, G. A., Lla'cer, G. & Badenes, M. L. (2002) . Genetic diversity in apricot cultivars based on AFLP markers. *Euphytica*, 127, 297 – 301.
14. Legave , J. M., Segura, V., Fournier, D. & Costes, E. (2006) . The effect of genotype, location and their interaction on early growth and branching in apricot trees. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, 81(2), 189 – 198.
15. Mariniello, L., Sommella, M. G., Sorrentino, A., Forlani, M. & Porta, R. (2002). Identification of *prunus armeniaca* cultivars by RAPD and SCAR markers. *Biotechnology letters*, 24, 749 – 755.
16. Raddova, J., Baranek, M., Oukropec, J., Vachûn, M. & Pidra, M. (2003). RAPD analysis of peaches within Czech national collection .*Czech Journal of Genetices and plant breeding*, 39(4), 113 – 119.
17. Rasolzadegan, Y. (1991) .Fruit business in temperate regions. Esfahan Uneversity Publishing (pp.329 - 544). (In Farsi) .
18. Semagn , K. (2002) . Genetic relationships among 10 endod types as revealed by a combination of morphological, RAPD and AFLP markers. *Hereditas*, 137, 149 – 156.
19. Sa' nchez-Pe'rez, R., Ruiz, D., Dicenta, F., Egea, J. & Mart' nez-Go'mez, P. (2005). Application of simple sequence repeat (SSR) markers in apricot breeding: molecular characterization, protection, and genetic relationships. *Scientia Horticulturae*, 103, 305–315 .
20. Sa' nchez-Pe'rez, R., Mart' nez-G'omez, M., Dicenta, F., Egea, J. & Ruiz, D. (2006). Level and transmission of genetic heterozygosity in apricot (*Prunusarmeniaca* L.) explored using simple sequence repeat markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53, 763–770 .
21. Yong, Xu., Rong-Cai, Ma., Hua,Xie. , Jian-Ting , Liu. & Ming-Qing, Cao.(2004) . Development of SSR markers for the phylogenetic analysis of almond trees from china and the Mediterranean region. *Genome*, 47, 1091 – 1104.