مجله به‌نژادی نهال و بذر
جلد ۱-۲۸ ، شماره ۲، سال ۱۳۹۱

شناسائی ژنوتیپ‌های خودسازگار و خودناسازگار در بادام و برخی از گونه‌های جنس Prunus با استفاده از نشانگرهای مولکولی

Identification of Self-Compatibility and Self-Incompatibility Genotypes in Almond and some Prunus Species Using Molecular Markers

مهرشاد زین‌العابدینی[۱]، مجتبی خیام‌نکوئی[۲]، علی ایمانی[۳] و پرستو مجیدیان[۴]

۱ و ۲- به ترتیب استادیار و دانشیار، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، کرج
۳- استادیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج
۴- دانشجوی سابق کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی، ساری

تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۳/۱۷ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۰/۹/۳

چکیده

زین‌العابدینی، م.، خیام‌نکوئی، م.، ایمانی، ع. و مجیدیان، پ. ۱۳۹۱ شناسائی ژنوتیپ‌های خودسازگار و خودناسازگار در بادام و برخی از گونه‌های جنس Prunus با استفاده از نشانگرهای مولکولی. **مجله به‌نژادی نهال و بذر ۱-۲۸:** ۲۳۸ - ۲۲۷.

خودناسازگاری گامتوفیتی در بادام با استفاده از یک مکان ژنی چند آللی کنترل می شود. به منظور شناسایی آلل های *S* در بادام از آغازگرهای عمومی و اختصاصی در واکنش زنجیره ای پلیمراز ساده و چندتایی استفاده شد. هفتاد رقم بادام زراعی از مناطق جغرافیایی مختلف و بیست و دو گونه دیگر از جنس Prunus و نیز برخی از تلاقی های بین گونه ای نمونه برداری شدند. با استفاده از آغازگرهای موجود، چهارده آلل *S* در ارقام بادام و یازده آلل در گونه های خویشاوند آن شناسائی شد. آلل S_f نیز در بعضی ارقام و گونه های Prunus با استفاده از جفت آغازگرهای اختصاصی شناسایی شدند. نتایج حاکی از وجود ارتباط ژنتیکی بین بادام و گونه های خویشاوند Prunus آن بود. خودناسازگاری ایجاد شده در تعداد زیادی از گونه های Prunus از خودگشنی جلوگیری کرده و تنوع ژنتیکی درون و بین گونه ها را ایجاد و حفظ می کند.

واژه‌های کلیدی: بادام، آلل‌های سازگاری و خودناسازگاری، واکنش زنجیره ای پلیمراز ساده و چندتایی.

نویسنده مسئول: mzeinolabedini@abrii.ac.ir تلفن: ۰۲۶۳۲۷۰۳۵۳۶

Archive of SID
www.SID.ir

مقدمه

بادام با نام علمی *Prunus dulcis*، متعلق به خانواده Rosaceae و زیر خانواده Prunoideae است. ارقام وحشی بادام از توده‌های طبیعی در آسیای مرکزی منشاء گرفته‌اند و بومی مناطق کوهستانی خشک آسیای مرکزی و غربی هستند که تا سواحل دریای مدیترانه گسترش یافته است. گونه‌های وحشی این گیاه نیز در این مناطق مشاهده می‌شود. امروزه مناطق عمده کشت بادام در سه ناحیه دنیا شامل آسیا، حوزه مدیترانه و آمریکا (ایالت کالیفرنیا) متمرکز بوده ولی در سطوح محدودی هم در استرالیا، آفریقای جنوبی، آرژانتین و شیلی کشت می‌شود (Gradziel and Kester, 1996). میزان صادرات بادام در جهان نشان از اهمیت ویژه این محصول داشته که در بین سایر خشکبارها، رتبه اول تولید جهانی را دارد. کشورهای آمریکا، اسپانیا، ایران، ایتالیا، مراکش، سوریه، تونس، ترکیه، الجزایر و یونان، به ترتیب بیشترین میزان تولید این محصول را دارند (Anonymous, 2009).

کشت این محصول از دیر باز در ایران رایج بوده است، به طوری که ایران به عنوان یکی از قدیمی‌ترین کشورهای مهم تولیدکننده و یکی از خاستگاه‌های بادام وحشی شناخته شده است. در حدود نوزده گونه Prunus در نقاط سردسیری و نیمه سردسیری ایران پراکنده هستند. بر همین اساس برخی از دانشمندان گیاه‌شناس موطن اصلی این گیاه را به ایران نسبت می‌دهند. پرورش بادام در اکثر مناطق ایران انجام می‌شود، اما مهم‌ترین مراکز تولید از نظر سطح زیر کشت و تولید محصول، استان‌های خراسان، فارس، آذربایجان شرقی، چهارمحال بختیاری، یزد، کرمان، اصفهان و آذربایجان غربی است (Imani, 1997).

اکثر درختان میوه موجود در جنس پرونوس مانند گیلاس، زردآلوی ژاپنی و آلوی ژاپنی خودناسازگار هستند. بادام نیز غالباً خود ناسازگار (Self-incompatible) است و خودناسازگاری آن از نوع گامتوفیتی GSI (Gametophytic self-incompatibility) است و به وسیله یک مکان ژنی با چندین آلل کنترل می‌شود (Halasz *et al.*, 2006). در GSI، سازگاری در یک تلاقی، به وسیله ژنوم هاپلوئید دانه گرده و ژنوم دیپلوئید مادگی گل تعیین می‌شود (de Nettancourt, 2001). در این حالت، از رشد لوله گرده در دانه گرده‌ای که دارای آلل *S* مشابه خامه‌پذیرنده گرده باشد، ممانعت می‌شود. اساس مولکولی خودناسازگاری گامتوفیتی در گیاهان خانواده Solanaceae به خوبی مورد مطالعه قرار گرفته است. cDNA مرتبط با مکان ژنی *S* نخستین‌بار در *Nicotiniana alata* همسانه‌سازی شد (Anderson *et al.*, 1986). توالی اسید آمینه به شدت بر نقش RNase خامه در واکنش‌های تشخیص و عدم پذیرش در خامه نقش دارد (McClure *et al.*, 1989). فعالیت RNase منطبق با هاپلوتیپ‌های *S* در

Archive of SID

www.SID.ir

بادام (Tao *et al.*, 1997) و گیلاس (Boskovic and Tobutt, 1996) نیز گزارش شده است. روش الکتروفورز ایزوزیمی ارائه شده به وسیله بوسکویچ و توبوت (۱۹۹۶) امکان تعیین تطابق بین ریبونوکلئازهای خامه و آلل‌های *S* را در جنس پرونوس فراهم کرد. از این روش برای تعیین خصوصیات ارقام موجود در یک کلکسیون بادام استفاده شد (Boskovic *et al.*, 1997). همچنین بعدها این روش در نقشه‌یابی ژن *S-RNase* در جمعیت حاصل از تلاقی ارقام Ferragnes در Tuono و تخصیص آن‌ها به G6 استفاده شد (Ballester *et al.*, 1998).

اگر چه تشخیص این صفت در بادام توسط تافتس و همکارانش در سال (۱۹۱۹) انجام شد، اما روند شناسایی گروه‌های دگرناسازگار و آلل‌های خودناسازگار خیلی کند بوده و تا به امروز نیز نسبتاً ناشناخته باقی مانده است (Lopez *et al.*, 2005, 2006). اثبات اساس ژنتیکی خودسازگاری و خودناسازگاری نسبتاً جدید بوده و با توجه به مطالعات انجام شده به موازات برنامه‌های به‌نژادی، پایه‌ریزی شده است (Wunsch and Hormoza, 2004). شناسایی آلل‌های خودناسازگار از طریق مطالعات گرده‌افشانی، کاری سخت و طاقت فرسا است. امروزه شناسائی ژنوتیپ‌های خودسازگار و خودناسازگار، عمدتاً از طریق تلاقی‌های کنترل شده در مزرعه یا آزمایشگاه و تجزیه و تحلیل *RNase* در آزمایشگاه انجام می‌شود (Dicenata *et al.*, 2002). اخیراً، روش‌های ملکولی در زمینه، شناسائی *Stylar S-RNase* به وسیله الکتروفورز در ژل عمودی اکریلامید و تکثیر اختصاصی آلل‌های *S* به کمک واکنش زنجیره‌ای پلیمراز و به دنبال آن الکتروفورز در ژل افقی آگارز، پیشرفت چشمگیری کرده است (Halasz *et al.*, 2006).

با توجه به اهمیت دست‌یابی به اطلاعات کافی در زمینه وضعیت سازگاری گیاهان و نیز به منظور حصول اطمینان از تشکیل میوه و افزایش عملکرد، تاکنون آغازگرهای اختصاصی و عمومی متعددی برای تعیین این صفت در گونه‌های مختلف درختان میوه خانواده Rosaceae از جمله بادام (*Prunus dulcis*)، گیلاس (*Prunus avium*)، زردآلو ژاپنی (*Prunus mume*) و زردآلو (*Prunus armeniaca*) طراحی شده است (Boskovic *et al.*, 2003). از جمله این آغازگرها می‌توان به آغازگرهای عمومی و نیز آغازگرهای طراحی شده برای شناسایی آلل های جدید S اشاره کرد (Channuntapipat *et al.*, 2001, 2002, 2003؛ Tamura *et al.*, 2000؛ Ma. and Oliveira 2001). همچنین به منظور شناسائی آلل‌های خودناسازگاری S_a، S_b، S_c و S_d در ارقام بادام، آغازگرهای الیگونوکلئوتیدی از نواحی محافظت شده، طراحی شده است (Tao *et al.*, 1997). بعد از آن سایر محققین، آغازگرهای اختصاصی مختلفی را به منظور

Archive of SID

www.SID.ir

شناسائی آلل‌های اختصاصی مانند (S_1، S_3)، (S_1، S_7، S_8) و (S_f، S_2، S_5، S_9، S_{25} و S_f) عرضه کردند و تا کنون ۴۴ آلل خودناسازگاری با عنوان S_1 تا S_{44} و S_a، S_b، S_c و S_d) و یک آلل خودسازگاری S_f در بادام و گونه‌های خویشاوند آن شناسائی شده است (Martinez- Gomez *et al.*, 2003؛ Halasz *et al.*, 2006؛ Kodad *et al.*, 2008؛ Ortega *et al.*, 2009؛ Rahemi *et al.*, 2010).

هدف از این مطالعه بررسی کارائی آغازگرهای عمومی و اختصاصی موجود در زمینه شناسائی اولیه آلل‌های خودسازگاری و خودناسازگاری در ارقام مختلف بادام، خصوصاً ارقام ایرانی و نیز برخی از گونه‌های خویشاوند پرونوس و تلاقی‌های بین گونه‌ای بود.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه، هفتاد رقم بادام زراعی شامل ارقام ایرانی و خارجی و نیز بیست و دو گونه دیگر از جنس پرونوس و برخی از تلاقی‌های بین گونه‌ای مورد ارزیابی قرار گرفت. نمونه‌برداری از کلکسیون‌های بادام مراکز تحقیقاتی CEBAS-CSIC (اسپانیا)، ABRICI (ایران) و استان‌های اصفهان، چهار محال و بختیاری و آذربایجان غربی و شرقی طی سال‌های ۱۳۸۴ و ۱۳۸۵ انجام شد. DNA ژنومی به روش Doyle and Doyle (1987) استخراج شد و از طریق روش‌های اسپکتروفتومتری و ژل آگارز (۰/۸ درصد) مورد ارزیابی کمی و کیفی قرار گرفت. آلل‌های تعیین‌کننده خودسازگاری و خودناسازگاری با استفاده از آغازگرهای اختصاصی (*S-allele* specific PCR) شناسایی شدند. مجموعه آغازگرهای مطالعه شده برای واکنش زنجیره‌ای پلیمراز ساده، شامل AS1II (رو به جلو)، AmyC5R (معکوس)، معرف توالی‌های متداول در آلل‌های تعیین‌کننده خودناسازگاری بادام، AmyC5R (معکوس) و CEBASf (رو به جلو)، طراحی شده برای آلل خود سازگاری S_f بودند. علاوه بر این دو مجموعه آغازگر دیگر نیز برای واکنش زنجیره‌ای پلیمراز چندتایی (Multiplex-PCR) استفاده شد که شامل AS1II (رو به جلو)، CEBASf (رو به جلو) و AmyC5R (معکوس)، A1Sc1 (رو به جلو)، A1Sd2 (رو به جلو) و AmyC5R (معکوس) بودند.

زنجیره‌های پلیمراز در حجم ۲۵µl شامل بافر PCR [۱۶mM $(NH_4)_2SO_4$، ۶۷mM Tris-HCL pH8.8]، Tween 20 ۰/۰۱ ٪، ۰/۲mM $MgCl_2$، ۰/۱mM از هر یک از نمونه‌های dNTP، ۰/۲ µM از هر یک از آغازگرها، یک واحد *Taq* DNA polymerase و ۹۰ نانوگرم DNA انجام شد. چرخه‌های حرارتی شامل، یک چرخه واسرشته‌سازی اولیه به مدت ۵ دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۳۵ چرخه با واسرشته‌سازی در ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه، اتصال آغازگرها به مدت یک دقیقه در دمای ۵۳ درجه سانتی‌گراد، بسط در دمای

Archive of SID

www.SID.ir

۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت دو دقیقه و بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰دقیقه بود. محصولات تکثیر شده با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۱/۵ درصد تفکیک شد. امتیاز دهی و تعیین اندازه آلل‌ها، به وسیله نرم‌افزار آنالیز ژل GeneTools از شرکت SYNGENE انجام شد.

نتایج و بحث

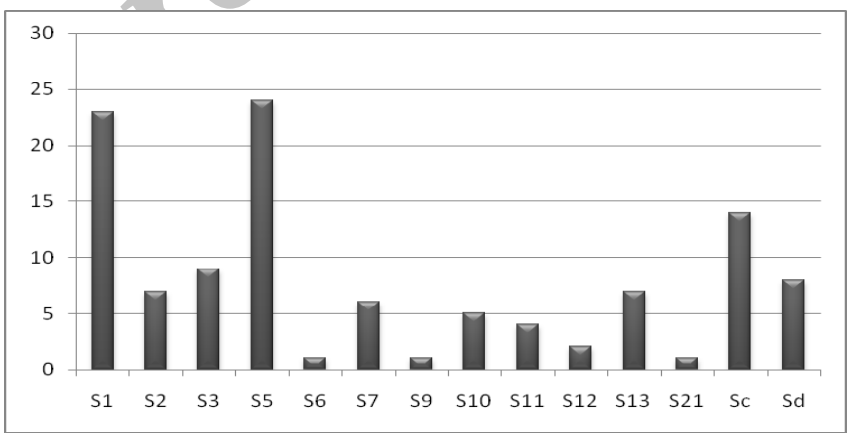
مشخصات آغازگرهای استفاده شده در این تحقیق در جدول ۱ نشان داده شده است.

جدول ۱- مشخصات آغازگرهای مورد استفاده برای شناسایی آلل‌های *S* در بادام و گونه‌های خویشاوند

Table 1. The characteristics of primers used for identification of *S*-alleles in almond and relative species

مارکرهای مولکولی Molecular markers	گروه لینکازی Linkage group	مشخصات مولکولی Molecular description	دمای اتصال Annealing temperature
AmyC5R/AS1II	G6	1st Intron S-RNase	53
AmyC5R/CEBASf	G6	1st Intron S-RNase	53
AmyC5R/AS1II/CEBASf	--	--	53
AmyC5R/A1Sc1/A1Sd2	--	--	53

در این مطالعه، چهارده آلل خودناسازگاری (S_1، S_2، S_3، S_5، S_6، S_7، S_9، S_{10}، S_{11}، S_{12}، S_{13}، S_{21}، S_c و S_d) در ارقام تجاری بادام شناسایی شد که در این میان آلل‌های S_1 و S_5 از فراوانی بیشتری برخوردار بودند (شکل ۱).



شکل ۱- مقایسه فراوانی آلل‌های S تکثیر شده در ارقام بادام و گونه‌های خویشاوند

Fig. 1. Frequency of *S*-alleles amplified in almond cultivars and relative species

www.SID.ir

تفاوت در اندازه قطعات تکثیر شده به وسیله واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (۲-۰/۲ Kb) امکان تفکیک این آلل‌ها را فراهم ساخت (جدول ۲ و شکل‌های ۲ و ۳).

جدول ۲- آلل‌های *S* شناسائی شده در نمونه‌های بادام و گونه‌های خویشاوند با استفاده از آغازگرهای (AS1II + AmyC5R) و (AmyC5R +A1Sd2+A1Sc1)

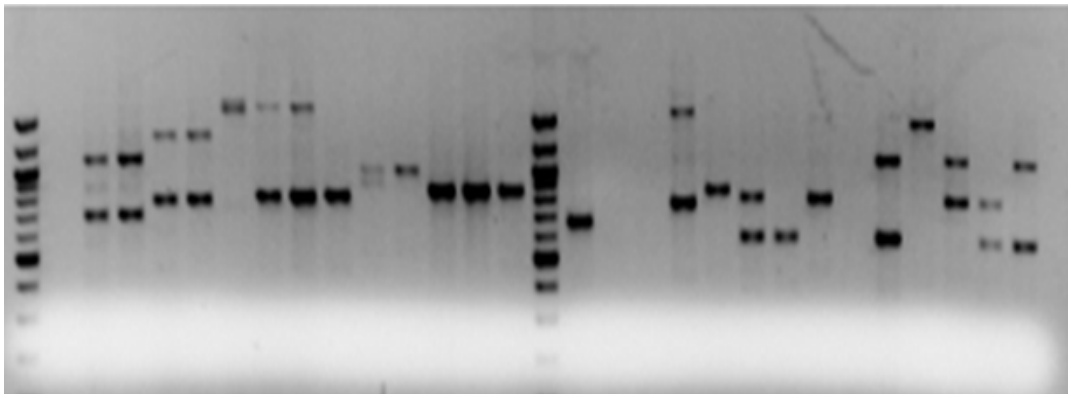
Table 2. The information of self-incompatibility alleles identified in almond cultivars and relative species using AmyC5R, A1Sd2, A1Sc1, AS1II and AmyC5R primers

آلل *S* S-alleles	اندازه قطعات تکثیر شده Product size (kb)	نمونه‌ها Samples
S_1	1.1	Ferragnes, Masbovera, Glorieta,Desmayo L., Marta, Texas, Cristomorto, All in one, Tuono, Genco, Guara, Longuedoc, mission27, Ardechoice, Arak1, Hamedan5, Sahand, Yalda, *P.webbii, P.fenzliana, P.scoparia, P.lycioides, P.webbii × P.dulcis*
S_2	0.8	Cristomorto, Achaak, Arak2, Hamedan4, Spanish200, *P.vavilov, P.eleagnifoliai*
S_3	1.2	Ferragnes, Lauranne, Antoneta, Marta, Tuono, Guara, *P.scoparia, P.lycioides, P.webbii × P.dulcis*
S_5	0.6	Primorsky, Glorieta, Desmayo L., Texas, Longuedoc, Mission27, Carmel26, Arak3, Arak4, Hamedan8, Dobahre, Shiraz10, Rabii, Sladkoplodd, MMNP2, MNVC, MNVA1, Jordi, Colorada, *P.lycioides,P.mandshurica,* S5133×*P.scoparia, P.fenzliana, P.scopari*
S_6	0.8	Ramillete
S_7	2	R1000, Garrigues, Cellastan, Azar, *P.hauskenchtii, P.scoparia*
S_9	0.8	Primorsky
S_{10}	1.2	Ardechoise, Guara, MNNF1, Desentnij, MNVC
S_{11}	0.7	Marcona, *P.webbii,P.armenica× P.dulcis, P.eleagnifolia*
S_{12}	1.6	Del cid, *P.webbii × P.dulcis*
S_{13}	1.4	Atocha, Garrigues, Cellastan, *P.vavilov, P.hauskenchtii, P.eleagnifolia, P.scoparia*
S_{21}	0.8	Bonita
S^c	0.2	Arak1, Spanish200, Hamedan1, Arak4, Dobahre, Shiraz10, Monagha, Rabii, Feragnes, Peraleja, Lauranne, Shokofeh, Azar, *P.kotchkii*,
S^d	0.3	Hamedan22, R1000, Nonpareil, All in one, Tardy Nonpareil, *P.lycioides, P.gorki*, S5133×*P.scoparia*

برخی از آلل‌های این ارقام (S_8، S_{19}، S_{22}، S_{23}، S_{25}، S_x، S_a و S_b) به کمک آغازگرهای مورد استفاده تکثیر نشدند. نتایج فوق تا حدودی با سایر نتایج حاصل از دیگر تحقیقات همخوانی داشت (Castric and Vekemans, 2004؛ Lopez *et al.*, 2006؛ Rahemi *et al.*, 2010). علاوه بر این، تعدادی نوار جدید با اندازه متفاوت در ارقام دیگر بادام یافت شد که شناسائی دقیق آن‌ها مستلزم بررسی دقیق‌تر است. البته در برخی از گونه‌ها مانند *P. bucharica* نیز تکثیر آلل‌های خودناسازگاری به کمک این آغازگرها انجام نشد.

نتایج حاصل از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز ساده و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز چندتایی با

www.SID.ir



شکل۲- الگوی نواری حاصل از جفت آغازگرهای AmyC5R و AS1II برخی از ارقام بادام و گونه‌های خویشاوند

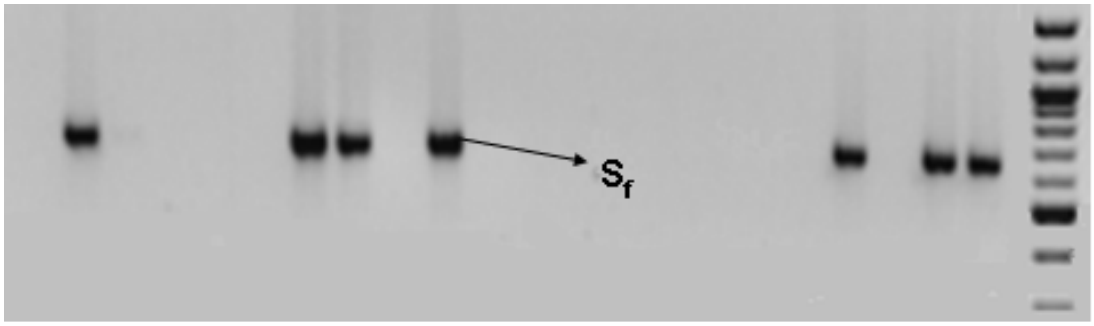
Fig. 2. Banding pattern of *S*-alleles in some almond cultivars and relative species using AmyC5R, AS1II primers

شکل۳- الگوی نواری حاصل از آغازگرهای AmyC5R، A1Sc1 و A1Sd2 برخی از ارقام بادام و گونه‌های خویشاوند

Fig. 3. Banding pattern of *S*-alleles in some almond cultivars and relative species using AmyC5R, A1Sc1 and A1Sd2 primers

استفاده از آغازگر CEBASf امکان شناسائی آلل خود سازگاری S_f (۰/۴ Kb) را فراهم ساخت. همان‌گونه که انتظار می‌رفت، این آلل در ارقام Lauranne، Antoneta، Marta، Tuono، Genco و Guara مشاهده شد. علاوه بر این در نمونه‌های دیگری نیز مانند R1000 و Spanish 230 (ژنوتیپ موجود در کلکسیون اصفهان)و برخی از افراد گونه‌های *P. webbii* و *P. lycioides* نیز آلل خودسازگاری شناسائی شد. البته اثبات خودسازگار بودن این نمونه‌ها مستلزم انجام تلاقی‌های کنترل شده و یا توالی یابی این قطعات است (شکل ۴). وجود آلل‌های خودسازگاری در برخی از کلون‌های گونه‌های فوق می‌تواند نشانه خویشاوندی این گونه‌ها با ارقام اهلی و نیز نشان‌دهنده احتمال منشاء گرفتن آلل خودسازگاری ارقام اهلی از این گونه‌ها

www.SID.ir



شکل۴- آلل‌های خود سازگاری در برخی از ارقام بادام و گونه‌های وحشی با استفاده از آغازگرهای AmyC5R و CEBASf

Fig. 4. Illustration of self-compatibility alleles in some almond cultivars and wild speices using AmyC5R and CEBASf primers

باشد. به جز مواردی که وجودآلل خودسازگاری در آن‌ها مشاهده شد، سایر ارقام، ژنوتیپ‌ها و گونه‌های خویشاوند خودناسازگار بودند. استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز چندتایی ابزاری قدرتمند است که با هزینه کمتر امکان ارزیابی تعداد آلل بیشتری را به طور همزمان فراهم می‌کند. آغازگرهای عمومی ارائه شده به وسیله تامورا و مرکز تحقیقاتی CEBAS در شناسائی تعدادی از آلل‌های خودناسازگاری و نیز آلل S_f کاملاً کارآمد بود (Tamura *et al.*, 2000؛ Martinez-Gomez *et al.*, 2003). مارتینز گومز و همکاران (Martinez-Gomez *et al.*, 2005) و محققین دیگر نیز بر کارایی این آغازگرها در شناسائی هشت آلل خودناسازگاری در ارقام تجاری بادام تائید کردند (Ma and Olivierd, 2001). مقایسه داده‌های به دست آمده از تلاقی‌های مزرعه‌ای برای ارقام مهم تجاری بادام، وجود آلل‌های یافت شده در این تحقیق را تائید می‌کند(Imani *et al.*, 1997 و ایمانی، گزارش‌های منتشر نشده). البته به منظور بررسی دقیق‌تر آلل‌های شناسائی شده در سایر ارقام ناشناخته و گونه‌های خویشاوند، انجام مطالعات مزرعه‌ای نیز الزامی است. به عنوان مثال، در میان ارقام ایرانی مورد مطالعه، آلل S_f در رقم Spanish 230 شناسائی شد، اما به منظور تائید خودسازگار بودن این رقم و بهره‌برداری از آن، می‌توان از تلاقی‌های کنترل شده استفاده کرد. نتایج به دست آمده پیرامون این صفت، نشان‌دهنده فاصله ژنتیکی نزدیک میان کلیه گونه‌های پرونوس مورد مطالعه است. در نتیجه امکان انتقال این صفت بین این گونه‌ها، طی برنامه‌های به‌نژادی و مهندسی ژنتیک وجود دارد. همچنین می‌توان گفت که آغازگرهای ارائه شده به وسیله تامورا و همکاران (Tamura *et al.*, 2000) برای شناسائی آلل‌های خودناسازگاری در ارقام بادام و

Archive of SID

www.SID.ir

گونه‌های خویشاوند، حالت اختصاصی نداشته و توالی‌های نوکلئوتیدی این آغازگرها در بادام و سایر خویشاوندان نزدیک آن کاملاً محافظت شده است. مشاهده باندهایی با اندازه جدید، احتمال شناسائی آلل‌های خودناسازگاری جدیدی را به وسیله این آغازگرها فراهم می‌کند. بر اساس نتایج مشاهده شده، وجود آغازگرهای غیر اختصاصی فوق برای برنامه‌های اصلاح بادام در کالیفرنیا مفید است، زیرا تعداد آلل موجود در ارقام کالیفرنیایی محدود است و اکثر ارقام تجاری بادام کالیفرنیایی دارای چهار آلل غالب S^a، S^b، S^c و S^d هستند (Sanchez-Perez *et al*., 2004). در مقابل با توجه به وجود تعداد آلل زیاد در ارقام اسپانیایی، عرضه آغازگرهای اختصاصی‌تر می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی مفیدتر باشد. منشأ اصلی چند شکلی بالا در سیستم ناسازگاری گامتوفیتی، جهش‌های نقطه‌ای و گزینش‌های ایجاد شده در گونه‌های دگرگرده افشان است. عقیده بر این است که در جمعیت گیاهی یک گونه خودناسازگار، آلل S ترجیحاً گسترش یافته تا به یک حالت تعادل برسند. بنابراین فراوانی همه آن‌ها در آن جمعیت باید تقریباً نزدیک بهم باشد که البته این امر همواره صادق نبوده است. بر اساس مطالعات مختلف مشاهده شده، جداسازی جغرافیایی و نیز گزینش در تکامل این صفت نقش داشته است (Silva and Goring, 2001). با انجام مطالعات دقیق‌تر مزرعه‌ای و آزمایشگاهی، پیرامون تعداد و نوع آلل‌های خودناسازگاری و خودسازگاری در گونه‌های خویشاوند بادام می‌توان به منشأ ژنتیکی آن و نیز ژنوتیپ هر یک از آن‌ها پی برد. آگاهی از آلل S و ژنوتیپ ارقام بادام به منظور به حداکثر رساندن کارایی تلاقی‌ها و نیز توصیه رقم جهت احداث باغ‌های جدید ضروری است (Socias i Company, 1990). میزان عملکرد در ارقام خودسازگار بادام حتی در شرایط دگر گرده‌افشانی ضعیف نیز بالاست. با توجه به این که دوره نونهالی در بادام حداقل سه سال است، گزینش و غربال‌سازی دانهال‌های خودسازگار به دست آمده در برنامه‌های به‌نژادی، به کمک روش‌های ملکولی و آغازگرهای اختصاصی از اهمیت به سزائی برخوردار است (Martinez-Gomez *et al*., 2003).

References

Anderson, M. A., Cornish, E. C., Mau, S. L., Willams, E. G., Hoggart, R., Atkinson, A., Bonig, I., Grego, B., Simpson, R., Roche, P. J., Haley, J. D., Penschow, J. D., Niall, H. D., Tregear, G. W., Coghlan, J. P., Crawford, R. J., and Clarke, A. E. 1986. Cloning of DNA for a stylar glycoprotein associated with expression of self-incompatibility in *Nicotiana alata*. Nature 321: 38–44.

Archive of SID
www.SID.ir

Anonymous. 2009. Statistical Databases: Agriculture. Available at: http://faostat.fao.org.

Ballester, J., Boskovic, R., Batlle, I., Arus, P., Vargas, F., and de Vicente, M. C. 1998. Location of the self-incompatibility gene in the almond linkage map. Plant Breeding 117: 69–72.

Boskovic, R., and Tobutt, K. R. 1996. Correlation of stylar ribonuclease zymograms with incompatibility alleles in sweet cherry. Euphytica 90: 245–250.

Boskovic, R., Tobutt, K. R., Batlle, I., and Duval, H. 1997. Correlation of stylar ribonuclease zymograms and incompatibility genotypes in almond. Euphytica 90: 245–250.

Boskovic, R., Tobutt, K. R., Batlle, I., Duval, H., Martinez-Gomez, P., and Gradziel, T. M. 2003. Stylar ribonuclease in almond: correlation with and prediction of incompatibility genotypes. Plant Breeding 122:70-76.

Castric, V., and Vekemans, X. 2004. Plant self-incompatibility in natural populations: a critical assessment of recent theoretical and empirical advances. Molecular Ecology 13: 2873-2889.

Channuntapipat, C., Sedgley, M., Batlle, I., Arus, P., and Collins, G. 2002. Sequences of the genomic cDNA encoding the *S1*, *S9*, *S10* and *S23* alleles from almond, *Prunus dulcis*. Journal of Horticultural Science and Biotechnology 77(4): 387-392.

Channuntapipat, C., Sedgley, M., and Collins, G. 2001. Sequences of the cDNAs and genomic DNAs encoding the S1, S7, S8 and Sf alleles from almond, *Prunus dulcis*. Theoretical and Appllied Gentics 103:1115-1122.

Channuntapipat, C., Wirthensohn, M., Raesh, S. A., Batlle, I., Arus, P., Sedgley, M., and Collins, G. 2003. Identification of incompatibility genotypes in almond using specific primers based on the introns of the S-alleles. Plant Breeding 122: 164-168.

de Nettancourt, D. 2001. Incompatibility and Incongruity in Wild and Cultivated Plants. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, Germany.

Dicenata, F., Ortega, E., Martinez-Gomez, P., Boskovic, R., and Tobutt, K. R. 2002. Comparison of homozygous and heterozygous self-compatible seedlings in an almond breeding programme. Euphytica 124: 23-27.

Archive of SID

www.SID.ir

Doyle, J. J., and Doyle, J. L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin 19: 11-15.

Gradziel, T.M., and Kester, D.E. 1996. Genetic improvement. pp. 70-75. In: Micke, W. C. (ed.). Almond Production Manual. Division of Agricultural and Natural Resources, University of California, Oakland, CA, USA.

Halasz, J., Hegedus, A., and Pedryc, A. 2006. Review of the molecular background of self-incompatibility in rosaceous fruit trees. International Journal of Horticultural Science 12: 7-19.

Imani, A. 1997. Study on the effectiveness of some physiologic and biologic traits in selected almond cultivars. Ph.D. Thesis, College of Agriculture Tarbiat Modaress University, Tehran, Iran (in Persian).

Imani, A., Talai, A. R. Vezvaei, A., Majidi, E., and Ghafari, A. R. 1997. The Growth of pollen and fruit production in selective almond cultivar A-82 by self-pollination. Seed and Plant. 13: 22-31 (in Persian).

Kodad, O., Alonso, J. M., Sanchez, A., Oliveira, M. M., and Socias i Company, R. 2008. Evaluation of genetic diversity of S-alleles in an almond germplasm collection. Journal of Horticultural Science and Biotechnology 83(5): 603-608.

Lopez, M., Romero, M., Vargas, F. J., Mnejja, M., Arus. P., and Batlle, I. 2005. Francoli, a late flowering almond cultivar re-classified as self-compatible. Plant Breeding 124: 502-506.

Lopez, M., Vargas, F. J., and Batlle, I. 2006. Self- (in) compatibility almond genotypes: A review. Euphytica 150(1-2): 1-16.

Martinez-Gomez, P., Ortega, E., Sanchez-Perez, R., Dicenta, F., Dandekar, A. M., Alonso, J. M., Socias i Company, R. Lopez, M., Batlle, I., and Gradziel, T. M. 2003. Identification of self-incompatibility alleles in almond and related Prunus species using PCR. Acta Horticulturae 622: 397-401.

Martinez-Gomez, P., Sanchez-Perez, R., Rubio, M., Dicenta, F., Gradziel, T. M., and Sozzi, G. O. 2005. Application of recent biotechnologies to Prunus tree crop genetic improvment. Cien. Inv. Agr. 32(2): 55-78.

Ma, R. C., and Oliveira, M. M. 2001. Molecular cloning of the self-incompatibility genes *S1* and *S3* for almond (*Prunus dulcis* cv. Ferragnes). Sex Plant Reproduction 14: 163-167.

Archive of SID

www.SID.ir

McClure B. A., Haring, V., Ebert, P. R., Anderson, M. A., Simpson, R. J., Sakiyama, F., and Clarke, A. E. 1989. Style self-incompatibility gene products of *Nicotiana alata* are ribonucleases. Nature 342: 955–957.

Ortega, E., Mousavi, D. J., and Dicenta, F. 2009. Morphological and molecular characterization of Iranian almond cultivars and their implications for breeding. Abstract Book of V International Symposium on Pistachios and Almonds. Turkey. Page 210.

Rahemi, A., Fatahi, R., Ebadi, A., Taghavi, T., Hassani, D., Gradziel, T., and Chaparro, J. 2010. Genetic variation of S-alleles in wild almonds and their related Prunus species. AJCS 4(8): 648-659.

Sanchez-Perez, R., Dicenta, F., and Martinez-Gomez, P. 2004. Identification of S-alleles in almond using multiple-PCR. Euphytica 138: 263-269.

Silva, N. F., and Goring, D. R. 2001. Mechanisms of self-incompatibility in flowering plants. Cell. Mol. Life Sci. 58: 1988-2007.

Socias i Company, R. 1990. Breeding self-compatible almonds. Plant Breeding Review 8: 313-338.

Tamura, M., Ushijima, K., Sassa, H., Hirano, H., Tao, R., Gradziel, T. M., and Dandekar, A. M. 2000. Identification of self-incompatibility genotypes of almond by allele- specific PCR analysis. Theoretical and Applied Genetics 101: 344-349.

Tao, R., Yamane, H., Sassa, H., Mori, H., Gradziel, T. M., Dandekar, A. M., and Sugiura, A. 1997. Identification of stylar RNases associated with gametophytic self-incompatibility in almond (*Prunus dulcis*). Plant Cell Physiology 38: 304–311.

Wunsch, A., and Hormoza, J. I. 2004. Molecular evaluation of genetic diversity and S-allele composition of local Spanish sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars. Genetic Resources and Crop Evolution 51: 635-641.

Archive of SID

www.SID.ir