

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

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

سمیه خونرژ^۱، براعملی سیاهسر^۱، مسیح فروتن^۱

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

Khunraz S^{*1}, Siyahsar BA², Forootan M³

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

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

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

چکیده

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

واژه‌های کلیدی

انگور

تنوع

رتروترانسپوزون

REMAP

مقدمه

RNA حد واسط منتقل می‌شوند، و رتروترانسپوزون نامیده (Flavell et al. 1992; Rashidi monfared et al. 2009) می‌شوند (Jianxin et al. 2004). این عناصر نیز گیاهان را تشکیل می‌دهند (D'Onofrio et al. 2010). این عناصر نیز به دو گروه تقسیم می‌شوند: عناصر با دو انتهای تکراری طولانی (LTR¹) و عناصر بدون انتهای تکراری طولانی (LINEs²). رتروترانسپوزون‌های بدون LTR به دو دسته³ (D'Onofrio et al. 2010) تقسیم می‌شوند (Boeke and Corces 1989). رتروترانسپوزون‌های LTR دار نیز به دو گروه *Ty1-copia* و *Ty3-gypsy* طبقه‌بندی می‌شوند (Shimamura et al. 1997). رتروترانسپوزون‌های *Ty1* دار نیز به دو گروه *Ty1-copia* و *Ty3-gypsy* طبقه‌بندی می‌شوند (Dettweiler and Eibach 2003). الحاق رتروترانسپوزون‌ها یک حادثه بیولوژیکی است یعنی رتروترانسپوزون‌ها در گیاهان مختلف تحت تاثیر تنش‌های زندگی و Grandbastien (1998) و به این روش تولید موتاسیون‌های ژنومی می‌کنند و میزان ژن‌های فعال شده و در ژنوم جایجا می‌شوند (Shapiro 1999). الحاق رتروترانسپوزون‌ها غیر قابل برگشت بوده به طوری که حضور یک رتروترانسپوزون در یک ناحیه خاص از ژنوم حاصل یک حادثه بیولوژیکی محسوب شده که در طول تاریخ تکاملی گیاه روی داده است (Shapiro 1999). از نشانگرهای مبتنی بر رتروترانسپوزون در انگور به منظور دستیابی به نتایج مختلفی استفاده شده است که می‌توان به تعیین چندشکلی توالی *Vitis vinifera* در ارقام vine¹ و پژوهش بر مبنای رتروترانسپوزون‌های *Vitis vinifera* در ارقام *Gret1* (Labra et al. 2004)، تجزیه و تحلیل ژنومی رتروترانسپوزون در ارقام *Pereira et al. 2005* (*Vitis vinifera* Gret1) شناسایی *ty1* جدید از رتروترانسپوزون‌های خانواده copia-like (Moisy et al. 2008)، تکثیر ژنومی رتروترانسپوزون ارقام انگور (Hodgkin and Ramanata Roa 2002; Naghavi et al. 2005) در انگورهای سفید وحشی و زیرگونه‌های هیرید (-Cadle et al. 2008) (Davidson and Owens 2008) بر اساس نشانگرهای مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون (D'Onofrio et al. 2010)، شناسایی چندشکلی کلون‌های قدیمی

¹ Long terminal repeat² Long interspersed element³ Short interspersed elements

انگور گیاهی چوبی، دائمی و کم و بیش سازگار با مناطق مختلف آب و هوایی (Comme 1992) دارای تنوع ژنتیکی بالا در بین ارقام و زیرگونه‌های وحشی و هیرید است (D'Onofrio et al. 2010). از ۶۰۰۰ رقم انگور ثبت شده در دنیا فقط ۴۰۰ رقم از ارزش اقتصادی برخوردار بوده و بقیه در باغ‌های گلکسیون نگهداری می‌شوند. شناخت دقیق و قابل اطمینان ارقام در مدیریت صحیح ژرمپلاسم، گواهی نهال توسط خرانه‌داران، ایجاد باغ‌های یک‌دست و انتخاب والدین برای تلاقي‌های کنترل شده از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Ghobadi et al. 2008). شناسایی ارقام انگور معمولاً بر اساس مشخصات تاکنگاری گیاه بالغ صورت می‌گیرد که تحت تاثیر محیط قرار دارد. روش قابل اعتماد و جایگزین این روش عبارتست از نشانگرهای مولکولی که در تعیین تنوع و روابط ژنتیکی گیاهان باعی استفاده می‌شوند (Bataillon et al. 1996). تشخیص دهنده این روش عبارتست از نشانگرهای مولکولی به طور مستقیم قادرند پراکندگی و تنوع ژنتیکی را تشخیص دهند (Ferguson et al. 1995). تعیین سطح تنوع ژنتیکی و حفظ آن در یک گونه گیاهی علاوه بر حفاظت گیاهی، در برنامه‌های به نژادی نیز حائز اهمیت است (Martinez et al. 2006). حذف تنوع ژنتیکی در توده‌های بومی و تولید ارقام یکنواخت، آینده را به خطر می‌اندازد (Ghasemi 1999). یکی از دغدغه‌های مهم جوامع گیاهی حفظ تنوع زیستی موجود می‌باشد (Hodgkin and Ramanata Roa 2002; Naghavi et al. 2005). نشانگرهای مولکولی می‌توانند اطلاعاتی در مورد اهمیت خصوصیات تنوع، نظیر جریان ژنی و الگوی اصلی یک جمعیت، در اختیار محقق قرار داده (Hodgkin and Ramanata Roa 2002) و پراکندگی و تنوع ژنتیکی را تشخیص دهند (Ferguson et al. 1995). عناصر متحرک در واقع قطعاتی از ژنوم موجود زنده می‌باشند که قادرند در ژنوم میزبان جایجا شوند. این عناصر به دو دسته تقسیم می‌شوند -1- عناصری که مستقیماً به صورت DNA قابل انتقال می‌باشند. -2- عناصری که بواسطه یک

Mخلوط شدند. واکنش PCR در دستگاه ترموسایکلر T Gradiant مدل RS 232 Biometra انجام شد. چرخه حرارتی مورد استفاده شامل یک مرحله واسرتنه‌سازی اولیه در 94°C به مدت دو دقیقه، مرحله دوم شامل ۳۵ چرخه هر چرخه شامل واسرتنه‌سازی در 94°C به مدت ۳۰ ثانیه، مرحله اتصال آغازگرها به رشته الگو 55°C به مدت ۳۰ ثانیه، بسط اولیه در 72°C به مدت دو دقیقه و بسط نهایی بعد از اتمام ۳۵ چرخه در 72°C به مدت ۱۰ دقیقه بود پس از آن نمونه‌ها تا زمان بارگذاری روی ژل در دمای 20°C نگهداری شدند.

پس از انجام واکنش PCR، محصول واکنش بر روی ژل آگارز $1/5$ درصد بارگذاری و در بافر 1X , TAE الکتروفوروز و با استفاده از محلول اتیدیوم بروماید رنگ‌آمیزی شد. وجود و عدم وجود باند در الگوی باندی با اعداد یک و صفر کدگذاری شد. داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار NTSYS 2.0 تجزیه شد. سه ضریب تشابه ساده، دایس، جاکارد محاسبه و دندروگرام با استفاده از الگوریتم خوش‌های UPGMA با استفاده از ضریب تشابه جاکارد NTSYS 2.0 ترسیم شد. برای مشاهده و توصیف بهتر روابط ژنتیکی میان ارقام مختلف انگور تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) روی ماتریس تشابه صورت گرفت.

نتایج و بحث

در مجموع واکنش‌های انجام شده با استفاده از ۷ ترکیب آغازگری 70 REMAP باند امتیازدهی شد (جدول ۳) که 21 باند آن تک شکل و 49 باند آن چند شکل بود. تعداد باندهای چند شکل آن از 4 تا 8 باند در هر ژل متغیر بود (شکل ۱).

بیشترین درصد چند شکلی در ارقام بومی منطقه زابل مربوط به آغازگر MS1/Gret1 Ra و در ارقام غیر بومی مربوط به آغازگرها MS1/Vine1 Fb و MS1/Gret1 Ra با 8 باند، کمترین درصد چندشکلی در ارقام بومی مربوط به آغازگر MS1/Vine1 Fb و در ارقام غیر بومی مربوط به آغازگر MS5/Gret1 Fb با 4 باند بود. میانگین تعداد باندهای چند شکل ارقام بومی مورد مطالعه $5/85$ و در ارقام غیر بومی $6/57$ درصد چند شکلی

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

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و استخراج DNA

در این پژوهش 33 ژنوتیپ انگور گونه *Vitis vinifera* از کلکسیون مرکز تحقیقات کشاورزی زهک مورد استفاده قرار گرفت (جدول ۱). در اواسط بهار سال 1391 از ارقام مطالعه $6-5$ برگ جوان نزدیک به انتهای شاخه انتخاب و تا زمان استفاده در یخچال -70°C - نگهداری شدند. استخراج DNA نمونه‌های گیاهی با استفاده از کیت استخراج گیاهی RON's (شرکت BIORON) صورت گرفت. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از ژل آگارز یک درصد و روش اسپکتروفوتومتری انجام شد.

واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز برای هر نمونه DNA استخراجی ارقام مطالعه با استفاده از ۷ ترکیب آغازگری REMAP صورت گرفت (جدول ۲). آغازگرها رتروترانسپوزونی و ISSR مورد استفاده گزارش شده توسط D'Onofri et al. (2010) به صورت تصادفی با هم ترکیب شدند (جدول ۲). اجزا واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم نهایی $25 \mu\text{l}$ شامل $12/5 \mu\text{l}$ Master mix، $0/5 \mu\text{l}$ مینیزیم کلرید، 70 ng DNA و $0/5 \text{ mM}$ DNA از هر آغازگر با هم

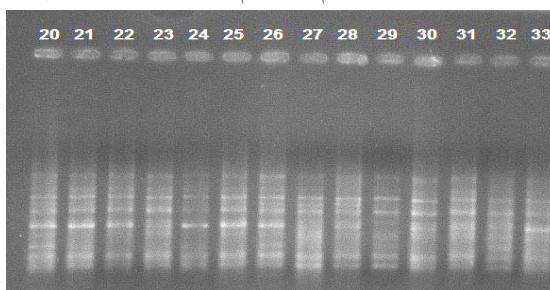
جدول ۱- اسامی ارقام انگور و منشا جغرافیایی

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

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

نام آغازگر	(5') توالی آغازگر → (3')
MS1/Vine1 Fa	TCCTCCCTCCCTCCCTCCA & TTCAAGCACTTTCATCAATAAA
MS1/Vine1 Fb	TCCTCCCTCCCTCCCTCCA & GCTTGATTTCTGTCAATTCTAA
MS1/Vine1 Rb	TCCTCCCTCCCTCCCTCCA & GAAACCAAATCTTGACCAAA
MS1/Gret1 Ra	TCCTCCCTCCCTCCCTCCA & CTTAAGGGAATCCGGATGAT
MS5/Gret1 Fb	GAGAGAGAGAGAGAGAC & GGTAAAAGGCCAACT(AG)ATTTAT
MS5/Gret1 Rb	GAGAGAGAGAGAGAGAC & TATGAAGGTTGTCCGGATGT
MS6/Gret1 Fa	TCTCTCTCTCTCTCTCG & (AG)TGCGTCC(AG)GACACCCTGT

شكل ۱- نمونه ژل حاصل از آغازگر ترکیبی MS1 / Vine1 Fb بر روی ارقام انگور (نام‌گذاری چاهک‌ها بر اساس شماره ژنوتیپ‌ها در جدول ۱).



شده بر روی همین ارقام ۵/۵ درصد بود (Khunraz et al. 2013). این نتایج نشان می‌دهد که میزان چند شکلی این آغازگر با وجود تعداد آغازگر کمتر بیشتر از آغازگرهای IRAP است. از نشانگرهای مورد مطالعه در این تحقیق نشانگرهای MS1/Gret1Ra و MS5/Gret1Rb بیشترین چند شکلی را ۷۵ و

ارقام بومی بین ۳۶/۳۶ درصد (MS1/Vine1 Fb) تا ۸۰ درصد (MS5/Gret1 Fb) و ارقام غیر بومی بین ۴۴/۴۴ درصد (MS1/Gret1 Ra) تا ۸۰ درصد (MS5/Gret1 Fb) متغیر بود (جدول ۳). میانگین تعداد باندهای چند شکل در آغازگرهای ۷ و در آغازگرهای رتروترانسپوزونی REMAP

همچنین ناشی از تفاوت منشا جغرافیایی این دو رقم است اما شباهت زیاد بین ارقام یاقوتی سفید زابل و خلیلی بی‌دانه رضوان با توجه به اختلافات مورفو‌لوزیکی و فنوتیپی این دو رقم حاکی از این است که احتمالاً این ارقام تحت تاثیر شرایط محیطی (تنشی‌های غیرزنده) یکسانی قرار گرفته‌اند و عناصر متحرک به میزان تقریباً یکسانی در آن‌ها بیان شده است. ارقام مورد مطالعه در ضریب تشابه 0.44 به دو گروه تقسیم می‌شوند که گروه اول شامل رقم کاردینال و گروه دوم شامل رقم باقیمانده است، که در ضریب تشابه 0.55 به 12 زیر گروه تقسیم شد. آغازگرهای IRAP نیز این ارقام را به دو گروه کلی و 10 زیر گروه تقسیم کردند (Khunraz et al. 2013). زیر گروه اول شامل ارقام: مولایی شهریار، عسکری سفید و رامین، بی‌دانه قرمز قزوین، خلیلی سفید فردوس، زیرگونه دوم شامل ارقام شاهانی قصر شیرین، تخم تهرانی، بی‌دانه سفید قزوین، یاقوتی قرمز قصر شیرین، صاحبی، زیر گروه سوم شامل رقم بی‌دانه زابل، زیر گروه چهارم شامل ارقام مایه میش، یاقوتی قرمز زابل، چشم گاوی، یاقوتی سفید زابل، خلیلی بی‌دانه رضوان، زیر گروه پنجم شامل رقم فخری، زیرگروه ششم شامل ارقام یاقوتی قرمز ورامین، خلیلی سفید قزوین زیر گروه هفتم شامل ارقام خلیلی ورامین، آبک امامیه، امیری زابل، پرلت، سیاه بیرجند، لعل، یاقوتی سیاه شیراز، زیر گروه هشتم شامل رقم یاقوتی قرمز قزوین، زیر گروه نهم شامل رقم عسکری سفید شیراز زیر گروه دهم شامل رقم شصت عروس زیر گروه یازدهم شامل ارقام سفید دانه، شاهانی قزوین زیر گروه دوازدهم شامل ارقام سنگک و کشمکشی بود. از 33 رقم انگور استفاده شده در این تحقیق 15 رقم بومی منطقه سیستان و 18 رقم غیر بومی منطقه سیستان بودند که پانزده رقم بومی در 8 زیر گروه مختلف همراه با بعضی از ارقام غیر بومی یا به تنهایی گروه بندی شدند. ارقام گروه سوم، چهارم، پنجم، دهم و دوازدهم همه از ارقام بومی بودند که شامل ده رقم از 15 رقم بومی بود و ارقام گروه اول، ششم، هشتم و نهم همه از ارقام غیر بومی بودند که 8 رقم از ارقام غیر بومی را شامی شدند. 10 رقم باقیمانده از ارقام غیر بومی همراه با 5 رقم بومی در گروه‌های دوم، هفتم و یازدهم قرار گرفتند.

^{۸۰} نسبت به سایر نشانگرها نشان داده‌اند (جدول^۳). از آنجا که این آغازگر، IRAP ترکیب شده با آغازگر Gret1 ISSR بوده لذا به نظر می‌رسد که رتروترانسپوزون‌های Gret1 در فرایند تکامل گیاهان مورد تحقیق بیشتر جابجا شده‌اند و تعداد نسخه‌های بیشتری را داخل ژنوم تکثیر کرده‌اند. همچنین این نشانگرها از گروه رتروترانسپوزون‌های Ty3-gypsy هستند لذا نتایج این تحقیق این احتمال را تقویت می‌کند که رتروترانسپوزون‌های Ty1-copia گروه Ty3-gypsy بیشتر از رتروترانسپوزون‌های گروه Ty1-gypsy در گیاه تکثیر و در طی تکامل این گیاه بیشتر جابجا شده‌اند. این نتایج نشان می‌دهد که رتروترانسپوزون‌های Ty3-gypsy سطح متفاوتی از چند شکلی را در انگور نشان می‌دهند. نتایج مطالعه Khunraz (2013) نیز نشان داد که رتروترانسپوزون‌های Ty3-gypsy بیشتر از رتروترانسپوزون‌های گروه Ty1-copia در جنس انگور گسترشده‌اند. وقوع و تکرار رتروترانسپوزون‌های Gret1, D'Onofrio, Vine-1, Tvv1 در ارقام انگور مورد تحقیق (2010) نشان داد که رتروترانسپوزون‌های copia-like و gypsy-like در جنس انگور گسترشده‌اند. این نتایج نشان می‌دهد که این رتروترانسپوزون‌ها قبلاً در انگورهای خاصی فعل بوده و همچنین در تکامل ارقام انگور نیز شرکت داشته‌اند. وجود و گستردگی عناصر رتروترانسپوزونی در سراسر ژنوم انگور بوسیله (2007) Pelsy برای توالی رتروترانسپوزونی LTR, Tvv1 نیز گزارش شده است. نمودار خوشبای بر اساس 49 باند به منظور بررسی و ارزیابی تنوع ژنتیکی چند شکلی ترسیم شد (شکل^۲). سه ضریب تطابق ساده، دایس و جاکارد محاسبه و مقایسه شد (جدول^۴). نتایج نشان داد که ضریب تشابه جاکارد با ضریب کوفتیک 0.83 درصد بهترین برآورد شباهت را برای گروه‌بندی ارقام در این آزمایش دارد.

در گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از این آغازگرها دامنه تشابه براساس روش جاکارد بین $0.92-0.44$ درصد بود که بیشترین میزان تشابه بدست آمده بین ارقام یاقوتی سفید زابل و خلیلی بی‌دانه رضوان با ضریب تشابه 0.90 و کمترین میزان تشابه بدست آمده بین ارقام خلیلی سفید فردوس و کاردینال با ضریب تشابه 0.44 برآورد شد. اختلاف زیاد بین ارقام خلیلی سفید فردوس و کاردینال نشان از فاصله ژنتیکی زیاد بین این دو رقم دارد و

جدول ۳- متوسط چند شکل نشانگرهای REMAP در ژنوتیپ‌های انگور مورد مطالعه

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

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

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
A	۱	۰/۷۶۳	۰/۶۹۹	۰/۶۴	۰/۶۱۹	۰/۵۷۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹
B	۰/۷۶۳	۱	۰/۶۹۹	۰/۶۴	۰/۶۱۹	۰/۵۷۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹
C	۰/۶۹۹	۰/۶۹۹	۱	۰/۶۴	۰/۶۱۹	۰/۵۷۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹
D	۰/۶۴	۰/۶۴	۰/۶۴	۱	۰/۶۱۹	۰/۵۷۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹
E	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۱	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
F	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۱	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹	۰/۵۷۹
G	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۱	۰/۸۴۰	۰/۷۴۲	۰/۶۶۷
H	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۰/۸۴۰	۱	۰/۷۴۲	۰/۶۶۷
I	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۶۷	۰/۵۷۹	۰/۷۴۲	۰/۷۴۲	۱	۰/۶۶۷
J	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۴۸	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۱	۰/۷۱۶
K	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۶۱۹	۰/۷۱۶	۰/۵۷۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۷۱۶	۱
L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V
L	۱	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۰۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۴۰۹
M	۰/۶۶۷	۱	۰/۷۰۱	۰/۷۲۰	۰/۵۴۷	۰/۷۲۰	۰/۵۰۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷
N	۰/۶۶۷	۰/۷۰۱	۱	۰/۷۰۱	۰/۵۴۷	۰/۷۰۱	۰/۵۰۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷
O	۰/۶۶۷	۰/۷۲۰	۰/۷۰۱	۱	۰/۵۴۷	۰/۷۸	۰/۵۰۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷
P	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۱	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴	۰/۶۱۱	۰/۵۴۷
Q	۰/۶۶۷	۰/۷۲۰	۰/۷۰۱	۰/۷۸	۰/۵۴۷	۱	۰/۵۰۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷
R	۰/۵۰۷	۰/۵۰۷	۰/۵۰۷	۰/۵۰۷	۰/۵۴۷	۰/۵۰۷	۱	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۰۷
S	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۱	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴
T	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۶۱۱	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴	۱	۰/۵۴۷
U	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷
V	۰/۸۰۹	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۶۶۷	۰/۵۴۷	۰/۶۶۷	۰/۵۰۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۱
W	X	Y	Z	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH
W	۱	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۷۶۲	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۷۶۲	۰/۷۶۲	۰/۷۶۲	۰/۷۵۲
X	۰/۵۴۷	۱	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷

Y	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۱	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶	۰/۶۰۸	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶	۰/۷۱۶
Z	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۱	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۸۱۵	۰/۸۲۹	۰/۸۱۵	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲
AB	۰/۷۵۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۷۵۲	۱	۰/۶۰۸	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۸۲۸
AC	۰/۶۰۸	۰/۵۴۷	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۱	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸
AD	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۱	۰/۸۱۵	۰/۹۰۶	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲
AE	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۸۲۹	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۸۱۵	۱	۰/۸۱۵	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲
AF	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۹۰۶	۰/۸۱۵	۱	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲
AG	۰/۷۶۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۸۱۵	۰/۷۵۲	۰/۶۰۸	۰/۸۱۵	۰/۸۱۵	۰/۸۱۵	۱	۰/۷۵۲
AH	۰/۷۵۲	۰/۵۴۷	۰/۷۱۶	۰/۷۵۲	۰/۸۲۸	۰/۶۰۸	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۰/۷۵۲	۱
A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	
L	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۸۰۱	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
M	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۶۹۷	۰/۰۷۹	۰/۷۴۲	۰/۷۴۲	۰/۷۸۵	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷
N	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۶۹۷	۰/۰۷۹	۰/۷۰۱	۰/۷۰۱	۰/۷۰۱	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷
O	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۶۹۷	۰/۰۷۹	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷
P	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۰۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷
Q	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۶۹۷	۰/۰۷۹	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۷۲۰	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷
R	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷	۰/۰۵۷
S	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴	۰/۴۴۴
T	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷
U	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷
V	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۸۰۹	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
W	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۷۵۲	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
X	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷	۰/۰۴۷
Y	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۷۵۲	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
Z	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۷۵۲	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AB	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۸۰۹	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AC	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۰۷۹	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸
AD	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۷۵۲	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AE	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۷۵۲	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AF	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۷۵۲	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AG	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۷۵۲	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
AH	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۹۱۹	۰/۸۰۹	۰/۰۷۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۷۴۸	۰/۷۱۶
L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	
W	۰/۷۵۲	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۵۴۷	۰/۶۹۷	۰/۰۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
X	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۵۵۹	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۴۴۴	۰/۵۵۹	۰/۷۱۸	۰/۵۴۷
Y	۰/۷۵۲	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۵۴۷	۰/۶۹۷	۰/۰۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
Z	۰/۷۵۲	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۵۴۷	۰/۶۹۷	۰/۰۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
AB	۰/۸۰۹	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۵۴۷	۰/۶۹۷	۰/۰۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۸۷۵
AC	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۶۰۸	۰/۵۴۷	۰/۶۰۸	۰/۰۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۶۰۸
AD	۰/۷۵۲	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۵۴۷	۰/۶۹۷	۰/۰۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲
AE	۰/۷۵۲	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۶۹۷	۰/۵۴۷	۰/۶۹۷	۰/۰۵۷	۰/۴۴۴	۰/۵۴۷	۰/۵۴۷	۰/۷۵۲

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

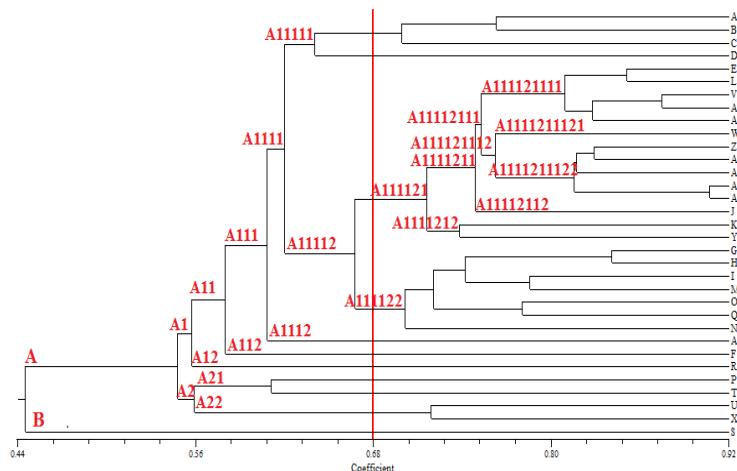
پرلت همراه با ارقام خالی و رامین، آبک امامیه، امیری زابل، سیاه بیرجند، لعل، یاقوتی سیاه شیراز در یک گروه قرار گرفت که احتمالاً رقم پرلت دارای نیای مشترک با این ارقام ایرانی باشد. این نتایج نیز با مطالعه (Khunraz 2013) مطابقت دارد. ولی این احتمال بسیار ضعیف است و باید با تعداد ارقام خارجی بیشتری این مقایسه انجام شود.

از آنجا که الحاقات رتروترانسپوزون‌ها یک حادثه بیولوژیکی است، (Grandbastien 1998) و الحاق رتروترانسپوزون‌ها غیر قابل برگشت است (Shapiro 1999) لذا نشانگرهای رتروترانسپوزونی داده‌های تاکسونومیکی را فراهم می‌کنند که سازگاری بیشتری با معیارهای جغرافیایی و مورفولوژیکی دارد. نتایج بدست آمده از تجزیه به مختصات اصلی (جدول ۵) نشان داد که ۶ مختصه اول در مجموع ۵۰/۴۴ درصد از کل تغییرات را توجیه کرد. سه مختصه اول در میزان تنوع مشاهده شده ۱۲/۰۰۷ درصد بود. مختصه دوم ۱۰/۹۶۸ درصد و مختصه سوم ۸/۴۱۹ درصد از کل تغییرات را توجیه می‌کند. با توجه به این که چند مولفه اول میزان کمی از تغییرات را توجیه می‌کند و مولفه‌های زیادی توجیه‌کننده کل تغییرات هستند در نتیجه می‌توان بیان کرد که آغازگرهای مورد استفاده در این مطالعه به طور گسترده‌ای در طول زنوم پراکنده‌اند و به طور قابل قبولی توانسته‌اند ارقام مورد مطالعه را با روش تجزیه خوش‌های از هم تفکیک کنند. نمودار دو بعدی حاصل از نتایج تجزیه به مختصات اصلی نیز نتایج حاصل از تجزیه خوش‌های ارقام را تقریباً توجیه می‌کند. (شکل ۳). تقریباً تمام ارقامی که در نمودار خوش‌های در یک گروه قرار گرفته‌اند در نمودار دو بعدی تجزیه به مختصات اصلی نیز نزدیک بهم قرار گرفته‌اند.

سپاسگزاری

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

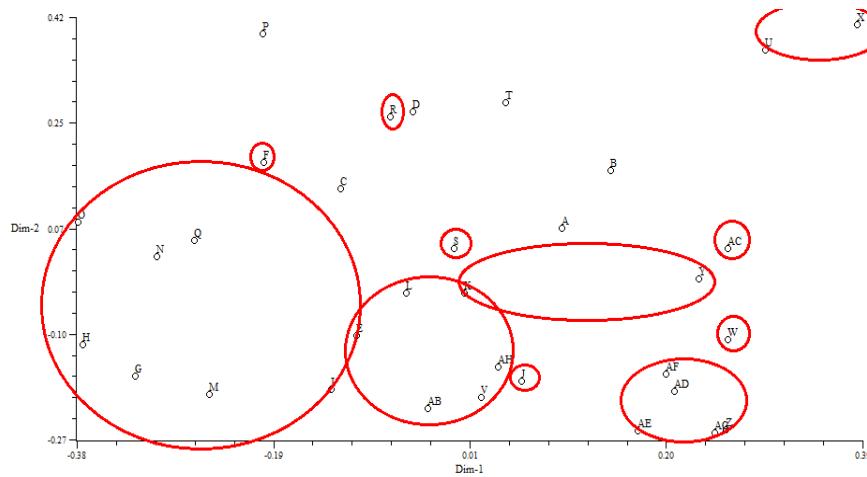
در مطالعه مبتنی بر SSR (Rigi Nezhad et al. 2004) و PCR (Behruz et al. 2010) که بر روی ارقام انگور سیستان انجام گرفت، افراد با قربات ژنتیکی نزدیک در یک گروه قرار گرفته‌اند اما در مطالعه حاضر چنین نبود که این نتایج با نتایج مطالعه Khunraz (2013) تطابق داشت. در نتایج مطالعه SSR بر روی ارقام انگور سیستان، نشانگرهای مبتنی بر ریزماهواره نتوانستند دو رقم یاقوتی سفید زابل و یاقوتی قرمز زابل را از هم تفکیک کنند (Behruz et al. 2010) ولی آغازگرهای REMAP این دو رقم را از هم تفکیک کردند. این نتایج با نتایج مطالعه آغازگرهای IRAP بر روی انگور سیستان نیز مطابقت دارد (Khunraz et al. 2013). همچنین ارقام یاقوتی قرمز قصرشیرین، یاقوتی سیاه شیراز در مطالعه (Behruz 2010) در یک گروه قرار گرفته بودند ولی در مطالعه حاضر هر کدام از این رقم‌ها در گروه‌های مختلف قرار گرفته‌اند که این نتایج نیز با نتایج مطالعه آغازگرهای IRAP بر روی انگور سیستان نیز مطابقت دارد (Khunraz et al. 2013). از آنجا که فعالیت رتروترانسپوزون‌ها تابعی از تنش‌هاست و در اثر تنش‌هایی از جمله حمله آفات و بیماری‌ها و یا خشکسالی‌ها فعال می‌شوند (Grandbastien 1992) می‌تواند علت چنین تقسیم‌بندی باشد. در اکثر گروه‌ها افرادی که در یک گروه قرار گرفته‌اند از نظر فیلوجنتیک از هم دور هستند و ارقامی که از نظر فیلوجنتیک به هم نزدیک هستند در گروه‌های مختلف قرار گرفته‌اند. مانند ارقام یاقوتی که شش رقم یاقوتی مورد استفاده متعلق به مناطق جغرافیایی رامین، شیراز، قزوین، زابل و قصر شیرین می‌باشند. این ارقام با وجود داشتن شباهت‌های مورفولوژیک و صفات باگبانی مشابه در پنج زیر گروه دسته بندی شدنده، فقط ارقام یاقوتی سفید زابل و یاقوتی قرمز زابل در یک گروه قرار گرفته‌اند ارقام بی‌دانه سفید قزوین و بی‌دانه قرمز قزوین با وجود داشتن یک منشا جغرافیایی و همچنین شباهت‌های مورفولوژیک و صفات باگبانی یکسان در زیر گروه‌های متفاوتی قرار گرفته‌اند. علت چنین دسته بندی میزان متفاوت عناصر متحرك موجود در این ارقام است. رقم خارجی



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

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

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



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

منابع

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

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

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