ژنتیک نوین
دوره سیزدهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۷
صفحه ۱۷٤ - ۱٦۹

بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های درخت به (*Cydonia oblonga* Mill.) مناطق مختلف با استفاده از نشانگر مولکولی RAPD

Evaluation of Genetic Diversity of Quince (*Cydonia oblonga* Mill.) Genotypes from Various Regions Using RAPD molecular Markers

مهدی علیپور[۱]، سولماز نادی[۲]، حمید عبداللهی*[۲]، سونا حسین آوا[۲]، وحید عبدوسی[۳]، مریم حسنی[۳]

۱- کارشناس ارشد، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تربت حیدریه

۲- به‌ترتیب دانشجوی دکتری، دانشیاران، پژوهشکده میوه‌های معتدله و سردسیری، موسسه تحقیقات علوم باغبانی، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۳- به‌ترتیب استادیار، دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، واحد علوم و تحقیقات دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

Alipour M[1], Nadi S[2], Abdollahi H[*2], Hossein Ava S[2], Abdossi V[3], Hassani M[3]

1- MSc, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Torbat-e-Hehydarieh

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

3- Assistant Professor, Graduated MSc Student, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Science and Research Branch, Islamic Azad University of Tehran, Tehran, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: h.abdollahi@areeo.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۵/۱۱/۲۰ - تاریخ پذیرش: ۹٦/۲/۳۱)

چکیده

منشاء پیدایش گونه به، منطقه قفقار و شمال ایران بوده و ژنوتیپ‌ها و ارقام گزینش‌شده آن در مناطق مختلف کشور پراکنش دارد. در این تحقیق، تنوع ژنتیکی ۳۰ ژنوتیپ ایرانی جمع‌آوری‌شده از نقاط مختلف و ٤ ژنوتیپ از قفقاز و غرب اروپا با استفاده از نشانگرهای مولکولی RAPD مورد مطالعه قرار گرفت. ۱۰ آغازگر RAPD مورد استفاده در این پژوهش، در ژنوتیپ‌های مورد بررسی ١٦٤ باند تکثیر نمودند که ۱۰۵ باند دارای چندشکلی بودند. در بین این آغازگرها، آغازگر opn102 و opn100 به‌ترتیب با ۲۱ و ۱۱ عدد باند بیش‌ترین و کم‌ترین تعداد باند را تکثیر کردند و هم‌چنین بیش‌ترین میزان چندشکلی مربوط به آغازگر opn211 بود. تجزیه خوشه‌ای، اغلب ژنوتیپ‌های به گیلان، اصفهان و خراسان را در خوشه‌های مستقلی طبقه‌بندی کرد و نشان‌دهنده این بود که، ژنوتیپ‌های درخت به مناطق مختلف کشور بر اساس مبدا و با استفاده از این نشانگر به میزان زیادی قابل تفکیک هستند.

واژه‌های کلیدی

تجزیه خوشه‌ای
تنوع ژنتیکی
چندشکلی
درخت به
نشانگر RAPD

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.15.2]

درخت به، با نام علمی *Cydonia oblonga* Mill. به خانواده گل‌سرخیان[1] تعلق داشته (Bell and Leitao 2011) و خاستگاه آن بین دریای خزر و دریای سیاه[2] و به‌ویژه نواحی شمالی ایران و قفقاز است (Bakhriddinov 1985; Vavilov 1930). در ایران، گسترش انواع وحشی به، از آستارا تا کتول در استان گلستان مشاهده می‌شود (Sabeti 1994) و ژنوتیپ‌های آن به صورت بذری در استان‌های خراسان، اصفهان، کردستان، تهران و اردبیل وجود دارد (Abdollahi et al. 2013).

اولین بررسی ژرم‌پلاسم به کشور توسط Razavi et al. (1999) انجام شد و سپس گزینش ژنوتیپ‌های بومی، توسط Abdollahi et al.(2013) صورت گرفت. اولین بررسی روی روابط خویشاوندی درخت به با استفاده از نشانگرهای مولکولی توسط Sanchez et al. (1988) با بررسی تنوع آیزوزایم‌ها انجام شد. استفاده از نشانگر RAPD با هدف بررسی تنوع ژنتیکی و روابط خویشاوندی ژنوتیپ‌های به ترکیه، توسط Bayazit et al. (2011) گزارش شده‌است. نکته حائز اهمیت در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های کشورهای مختلف این است که در اغلب بررسی‌ها، ژرم‌پلاسم داخلی و بومی مد نظر بوده و در کم‌تر برنامه‌ای روابط خویشاوندی ژنوتیپ‌های کشورهای مختلف به صورت یکجا مورد بررسی قرارگرفته است. در کشور ما نیز، وجود تعداد محدود ژرم‌پلاسم وارداتی از موانع انجام این تحقیق بوده است. با توجه به اهمیت بررسی تنوع ژنتیکی و روابط خویشاوندی جهت مطالعه ژرم‌پلاسم و تهیه برنامه‌های اصلاحی، این تحقیق با هدف بررسی قرابت ژنتیکی ارقام و ژنوتیپ‌های درخت به انجام شد. به این منظور ۳۰ ژنوتیپ درخت به، از مناطق مختلف ایران که توسط Abdollahi et al. (2008a) جمع‌آوری و در کلکسیون به مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج نگهداری می‌شوند و ٤ ژنوتیپ وارداتی، مورد استفاده قرار گرفتند (جدول ۱).

ارزیابی‌های مولکولی با استفاده از ۱۰ آغازگر مربوط به نشانگر RAPD از سری opn انجام (جدول ۲) و استخراج DNA با روش CTAB تغییر یافته (Yamamoto et al. 2001) انجام شد. کمیت و کیفیت DNA حاصل با روش اسپکتروفتومتری در طول موج ۲٦۰ و ۲۸۰ نانومتر تعیین شد. واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مرازی با استفاده از دستگاه ترموسایکلر BioRad در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر انجام گرفت (Bayazit et al. 2011). اجزا واکنش شامل۱۰۰ نانوگرم DNA الگو، بافر واکنش ۱۰X، $MgCl_2$ ۲۵ میلی‌مولار، ۱۰dNTPs میلی‌مولار، ۲۰۰ نانوگرم از هر آغازگر با غلظت ۲۰ پیکومول بر میکرولیتر) و آنزیم *Taq* DNA polymerase یک واحدی بود. واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرازی با ۵ دقیقه واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹٤ درجه‌سانتی‌گراد آغاز و با ۳٦ چرخه تکثیر با پروفایل دمای واسرشته‌سازی در دمای ۹٤ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، اتصال آغازگرها در دمای بهینه‌سازی شده بین ۳۵ تا ٤۰ درجه سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه و تکثیر در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه انجام و در نهایت با تکثیر به مدت ۸ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد دنبال شد.

[1] Rosaceae
[2] Trans-caucasia Regions

جدول ۱- ژنوتیپ‌های درخت به مورد بررسی و منشا آن‌ها

	منشاء (Origin)	کد ژنوتیپ (Genotype Code)
ایران	اصفهان (Isfahan)	ET1، KM1 (Torsh Esfahan)، KVD1، KVD2، KVD3 (Esfahan)، KVD4، NB2، SVS2، SVS1، SHA1، PK2، PH2، NB4، NB3
	خراسان (Khorasan)	M1 (Torsh)، M2 (Moghavem No.2)، M3 (Esfahan Oghaf)، M4 (Moghavem No.1)، M5 (Gardan Dar)، M6 (Khosro)، M7 (Sahel Borj)، M8 (Dizbad)
	گیلان (Guilan)	AS1، AS2، ASM1، ASM2، ASM3، ASP1، ASP2، UT1
قفقاز	Caucasia	Darnak ،Rajabli-1
فرانسه	France	Provence Quince A
بلژیک	Belgium	Quince Adams

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.15.2]

جدول ۲- مشخصات نشانگرهای RAPD مورد استفاده در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های درخت به.

نام آغازگر	توالی آغازگر	دمای اتصال آغازگر (°C)	نام آغازگر	توالی آغازگر	دمای اتصال آغازگر (°C)
Opn 100	GTTGTGCTTG	۳۸	Opn 101	GATCTGGAAG	۳۵
Opn 101	GATCTGCAAA	۳۷	Opn 211	GAAGCGCGAT	۳۷
Opn 102	CATCTTGATG	٤۰	Opn 214	CATGTGCTTG	۳٦
Opn 103	ATGTGATAAA	۳۵	Opn 283	CGGCCACCGT	۳۵
Opn 104	CTAGAGCATG	۳٦	Opn 289	ATCAAGCTGC	۳۹

جدول ۳- پارامترهای تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگرهای RAPD

نام آغازگر	باندهای پلی‌مورف	کل باند	درصد پلی‌مورفیسم (چندشکلی)	محتوای اطلاعات پلی‌مورفیسم (PIC)	تعداد آلل موثر (Ne)	شاخص اطلاعاتی شانون (I)
Opn 100	۱۰	۱۱	۹۱	۰/۰۹۱	۱/۷٤	۰/۵۸
Opn 101	٦	۱۲	۵۰	۰/۹٦	۱/۳۲	۰/۲٦
Opn 102	۲۰	۲۱	۹۵	۰/۰۵۷	۱/٦۵	۰/۵۳
Opn 103	۱۰	۲۹	۵۳	۰/۰۵۳	۱/٤۵	۰/۳٦
Opn 104	۱۳	۲۰	٦۵	۰/۰۵۱	۱/۱۹	۰/۱۸
Opn 105	٤	۱۲	۳۳	۰/۰۹۵	۱/۱٤	۰/۱٤
Opn 211	۱۹	۱۹	۱۰۰	۰/۰٦۵	۱/٦٤	۰/۵۳
Opn 214	۸	۱۵	٤۷	۰/۰۷٤	۱/۳۳	۰/۲۷
Opn 283	۵	۱۵	٦۷	۰/۰۹۹	۱/۲٤	۰/۲۵
Opn 289	۱۰	۲۰	۵۰	۰/۰٦۹	۱/٦۵	۰/٤۱
میانگین	۱۰/۵	۱٦/٤	٦۵/۱	۰/۰۷۵	۱/٤۲	۰/۳۵
مجموع	۱۰۵	۱٦٤	---	۰/۷۵	۱٤/۲۱	۳/۵۰

به‌منظور بررسی چندشکلی بین ژنوتیپ‌ها، وجود یا عدم وجود یک باند با اعداد صفر و یک نمره‌دهی شد. محاسبه محتوای اطلاعات چندشکلی هر آغازگر (PIC) با استفاده از روش Powell et al.(1996) محاسبه شد. هم‌چنین تعداد آلل مؤثر (Kimura and Crow 1963) و شاخص اطلاعات شانون (Lewontin 1972) با استفاده از نرم‌افزار GenALEx و ماتریس تشابه ژنوتیپ‌ها توسط نرم‌افزار NTSYS و ضرایب تشابه جاکارد محاسبه شد. تجزیه خوشه‌ای براساس ماتریس تشابه و به روش UPGMA صورت گرفت.

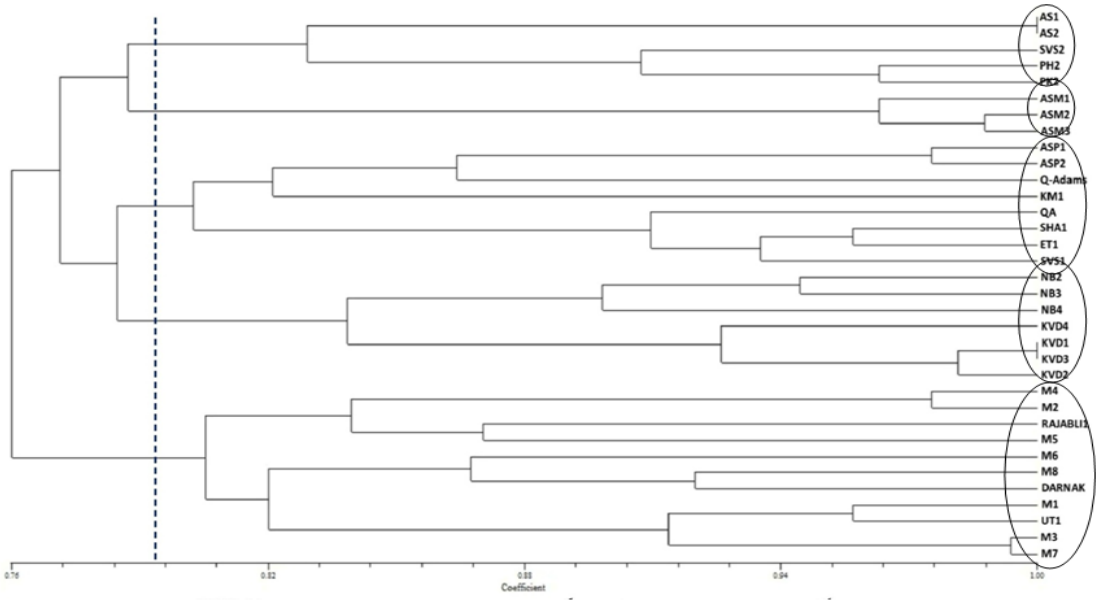
آغازگرهای مورد استفاده در مجموع ١٦٤ باند را در ارقام و ژنوتیپ‌های مختلف به تکثیر نمودند که در بین باندهای تکثیر شده، تعداد ۵۹ باند یک‌شکل[1] و ۱۰۵ باندچند شکل بودند. اندازه باندهای تولید شده در اغلب آغازگرهای مورد استفاده در محدوده ۱۰۰ تا ۱۰۰۰ جفت‌باز بود و در چهار آغازگر opn100، opn103، opn104 و opn211 باندهای کوچک‌تر از ۲۰۰ جفت باز و تنها در آغازگر opn211 باند بزرگ‌تر از ۱۰۰۰ جفت‌باز تکثیر شد در بین آغازگرهای مورد استفاده، آغازگر opn102 با ۲۱ باند، بیش‌ترین و آغازگر opn100 با ۱۱ باند، کم‌ترین تعداد باند را ایجاد کردند. بیش‌ترین درصد چند شکلی مربوط به آغازگر opn211 با ۱۰۰ درصد چند شکلی و کم‌ترین مقدار چندشکلی مربوط به آغازگر opn105 با ۳۳ درصد چندشکلی بود (جدول ۳). از نظر شاخص‌های تعداد آلل موثر (Ne) و شاخص شانون (I) مشاهده شد که آغازگرهای opn100 وopn105 به ترتیب بیش‌ترین و کم‌ترین مقدار را در بین آغازگرهای مورد مطالعه داشتند. با توجه به اینکه تعداد آلل مؤثر و شاخص شانون با میزان تنوع ژنتیکی رابطه مستقیم دارد، می‌توان نتیجه گرفت که آغازگر opn100 بیش‌ترین تنوع ژنتیکی را نسبت به سایر آغازگرها نشان داد (جدول ۳).

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در حد تشابه ۰/۷۸ به ۳ خوشه و ۵ گروه اصلی تقسیم کرد. مقایسه منشا این

[1] Mono-morph

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.15.2]

ژنوتیپ‌ها با خوشه‌های به دست آمده نشانگر این بود که روند کلی تمایز ژنوتیپ‌ها بر اساس مبدا تا حد قابل توجهی مشاهده می‌شود، به‌صورتی که در اولین خوشه اغلب ژنوتیپ‌های گیلان، در خوشه دوم اغلب ژنوتیپ‌های اصفهان و در خوشه سوم اغلب ژنوتیپ‌های خراسان قرار گرفتند (شکل ۱). از این نظر، نتایج حاصل تا حد قابل قبولی با نتایج Khoramdel Azad et al. (2013) که گزارش کردند، ژنوتیپ‌های مناطق مختلف کشور با استفاده از نشانگر توالی‌های ساده تکراری بر اساس مبدا قابل تفکیک هستند منطبق است. از طرفی این نتایج و گزارش Khoramdel Azad et al. (2013) مؤید این است که به‌های بومی موجود در مناطق مختلف کشور در حد قابل توجهی در توده‌های مستقل و متمایزی قرار گرفته‌اند که با نتایج ارزیابی مورفولوژیک و کیفیت خوراکی میوه ارائه شده توسط Alipour et al. (2014) روی این ژنوتیپ‌ها منطبق است. بر اساس تجزیه خوشه‌ای، کلیه ژنوتیپ‌هایی که از استان خراسان منشا گرفته بودند همراه با ژنوتیپ‌های بومی قفقاز شامل رجبلی-۱ و دارناک و ژنوتیپ UT1 از استان گیلان در گروه اول قرار گرفتند. این گروه در مجموع به چهار زیرگروه اصلی تقسیم شد به طوری‌که ژنوتیپ‌های M4 و M2 در یک زیرگروه، رجبلی-۱ و M5 در زیرگروه دیگر، M6، M8 و دارناک نیز به‌طور جداگانه در یک زیرگروه قرار گرفتند. اغلب ژنوتیپ‌های این گروه به غیر از دو ژنوتیپ قفقاز که تاکنون مورد بررسی قرار نگرفته‌اند، در بررسی‌های قبلی با خصوصیاتی نظیر کیفیت میوه نسبتاً پائین (Alipour et al. 2014) و حساسیت به آتشک کم‌تر در مقایسه با ژنوتیپ‌های به منطقه مرکزی (Abdollahi et al. 2008b; Ghahremani et al. 2014; Mehrabipour et al. 2010 and 2012) از دیگر ژنوتیپ‌ها داخلی متمایز شده‌اند. ژنوتیپ‌های این خوشه به غیر از UT1، اغلب دارای ارزش تجاری متوسطی بوده و از ژنوتیپ‌های گیلان در رده بالاتر و از ژنوتیپ‌های اصفهان در رده پائین‌تری از جنبه کیفی و انبارمانی قرار می‌گیرند. وجود دو رقم رجبلی-۱ و دارناک در بین این ژنوتیپ‌ها در تجزیه خوشه‌ای، احتمال این را بیان می‌کند که ژنوتیپ‌های به خراسان دارای منشاء تکاملی مستقل از ژنوتیپ‌های عمومی گیلان شامل انواع AS، ASM و ASP باشند. این نتایج در کنار روند ورود ژرم‌پلاسم دیگر گونه‌های درختان میوه نظیر گلابی (Erfani et al. 2013; Nikzad Gharehaghaji et al. 2014) از آسیای مرکزی به خراسان، تأیید کننده مشاهدات Vavilov (1930) مبنی بر وجود انواع وحشی و متمایز به در شرق دریای خزر است.



شکل ۱- تجزیه خوشه‌ای نتایج حاصل از نشانگر RAPDs روی ارقام و ژنوتیپ‌های درخت به با استفاده از روش UPGMA.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.15.2]

گروه دوم شامل ژنوتیپ‌هایی از استان اصفهان بوده و این گروه خود به دو زیرگروه اصلی تقسیم شد، به‌صورتی که ژنوتیپ‌های KVD1، KVD2 و KVD4 همراه با به اصفهان در یک زیرگروه و ژنوتیپ‌های NB2، NB3 و NB4 در زیرگروه دیگر قرارگرفتند. نکته قابل اهمیت، کارآئی مطلوب این نشانگر در گروه‌بندی ژنوتیپ‌های به بود به صورتی که کلیه ژنوتیپ‌های کاشان شامل KVD1، KVD2 و KVD4 و ژنوتیپ‌های نائین شامل NB2، NB3 و NB4 علی‌رغم عدم استفاده از آغازگرهای متعدد در زیرگروه‌های مستقلی قرار گرفتند (شکل ۱).

دو ژنوتیپ KVD1 و KVD3 بر اساس خصوصیات مورفولوژیک و عادت رشدی گزارش شده توسط Alipour et al. (2014) کاملاً قابل تمایز بوده و نتایج بیانگر عدم کارآئی مجموعه آغازگرهای موجود در تفکیک این دو ژنوتیپ بود. همچنین گروه سوم مشابه با گروه دوم، اغلب شامل ژنوتیپ‌هایی از استان اصفهان به همراه دو ژنوتیپ بومی مناطق غرب اروپا و دو ژنوتیپ از استان گیلان بود. این گروه خود به چهار زیرگروه اصلی تقسیم شد، به‌طوری که ژنوتیپ‌های استان گیلان شامل ASP1 و ASP2 در فاصله ژنتیکی ۰/۸۶ جدا شده و در یک زیرگروه قرار گرفتند. کوئینس-آدامز نیز خود به تنهایی در فاصله ژنتیکی ۰/۸۶ جدا شده و در گروه مستقل قرار گرفت. ژنوتیپ KM1 نیز در فاصله ژنتیکی ۰/۸۱ از این گروه جدا شده و در زیرگروه مستقل قرار گرفت. بقیه ژنوتیپ‌های این گروه نیز شامل پرونس کوئینسA، SHA1، ET1 و SVS1 بودند. نکته قابل توجه در این گروه‌بندی این است که اغلب ژنوتیپ‌های به اصفهان که دارای میوه‌هایی با بافت نرم‌تر و پرآب‌تر از ژنوتیپ‌های کاشان و نطنز می‌باشند، در این گروه قرار گرفته و با ژنوتیپ‌های مسیر تکاملی غرب اروپا شامل پرونس کوئینس A و کوئینس آدامز بیش‌ترین قرابت را نشان دادند (شکل ۱).

گروه چهارم شامل ژنوتیپ‌های میان‌رس گیلان شامل ASM1، ASM2 و ASM3 بوده و در گروه پنجم نیز ژنوتیپ‌هایی از استان اصفهان و گیلان قرار گرفتند. این گروه خود به دو زیرگروه اصلی تقسیم شد. زیرگروه اول شامل ژنوتیپ‌های AS1 و AS2 بود. ضریب تشابه بالای این دو ژنوتیپ نیز بیانگر عدم امکان تمایز آنها بر اساس نشانگر RAPD است، لیکن در بررسی Alipour et al. (2014)، این دو ژنوتیپ بر اساس صفات مورفولوژیک متمایز گردید. زیرگروه دیگر شامل ژنوتیپ‌های SVS2، PH2 و PK2 بود. ژنوتیپ SVS2 در فاصله ژنتیکی ۰/۱۰ جدا شده و در یک گروه مستقل قرار گرفت. بررسی این گروه نشان می‌دهد که نشانگر RAPD توانسته است ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را مطابق با منشاء آن‌ها در گروهای جدا قرار داده و ژنوتیپ‌هایی از اصفهان که دارای میوه پرآب‌تر و دارای بافت میوه نرم‌تری می‌باشند در یک گروه اصلی در مجاور ژنوتیپ‌های گیلان که اغلب دارای بافت میوه آبدار و فاقد گسی میوه هستند گروه‌بندی شدند.

با توجه به نتایج به‌دست آمده مشخص شد ژنوتیپ‌های به بومی قفقاز با ژنوتیپ‌های منطقه خراسان و ژنوتیپ‌های مناطق غربی اروپا با برخی از ژنوتیپ‌های بومی استان اصفهان بیش‌ترین قرابت را نشان دادند و به‌نظر می‌رسد که ژنوتیپ‌های خراسان از ژرم‌پلاسم شرق خزر منشاء گرفته باشند.

منابع

Abdolahi H, Ghsemi A, Adli M (2008a) Collecting and collection establishment of *Cydonia oblonga* Mill. Germplasm from different regions of Iran. In: Proceedings of *10th Iranian Congress of Genetic*, Plant section, Tehran, Iran. p.192. (In Farsi).

Abdollahi H, Ghasemi A, Mehrabipour S (2008b) Evaluation of fire blight resistance in some quince (*Cydonia oblonga* Mill.) genotypes, II. Resistance of genotypes to the disease. Seed and Plant 24:529-541. (In Farsi).

Abdollahi H, Alipour M, Khorramdel Azad M, Mehrabipour S, Ghasemi A, Adli M, Atashkar D, Akbari M (2013) Establishment of quince (*Cydoniaoblonga* Mill.) germplasm collection from various regions of Iran. Acta Horticulturae 976:199-206.

Alipour M, Abdolahi H, Abdousi V, Ghasemi A, Adli M, Mohamadi M (2014) Evaluation of vegetative and reproductive characteristics and distincness of some quince (*Cydonia oblonga* Mill.) genotypes from different regions of Iran. Seed and Plant Improvement Journal 30-1:507-529. (In Farsi).

Bakhriddinov NB (1985) Wild relatives of fruit crops in Central Asia and the upper limit of their distribution. Dep 3408-85. p.14.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.15.2]

Bayazit S, Imrak, B, Kuden A, Kemal Gungor M (2011) RAPD analysis of genetic relatedness among selected quince (*Cydoniaoblonga* Mill.) accessions from different parts of Turkey. HortScience 38:134-141.

Bell RL, Leitao J (2011) *Cydonia*. pp: 1-16. In: Kole, C. (ed.) Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources, Springer-Verlag, Berlin, Germany.

Erfani J, Ebadi A, Abdollahi H, Fatahi Moghadam MR (2012) Genetic diversity of some pear cultivars and genotypes using simple sequence repeat (SSR) markers. Plant Molecular Biology Reporter 30:1065-1072.

Ghahremani Z, Alipour M, Abdollahi H, Mohammdi M, Ghasemi A, Adli M (2013) Selecting effective indices for evaluation of fire blight resistance in quince germplasm under orchard settings. Acta Horticulturae 1056:247-252.

Khoramdel Azad M, Abdollahi H, Ghasemi A, Hajmansour S (2010) Transferability of apple derived SSR markers to genotypes of quince (*Cydonia oblonga* Mill.). Seed and Plant 26:451-467. (In Farsi).

Khorramdel Azad M, Abdollahi H, Taeb M (2008) Optimization of DNA extraction from Iranian quince (*Cydonia oblonga* Mill.) genotypes. In: Proceedings of 2nd International Student Conference of Biotechnology Tehran, Iran. p.368.

Kimura M, Crow JF (1963) The measure of effective population number. Evolution 17:279-288.

Lewontin RC (1972). The apportionment of human diversity. Evolutionary Biology Journal 6:381-398.

Mehrabipour S, Abdollahi H, Adli M (2012) Response of some quince (*Cydonia oblonga* Mill.) genotypes from Guilan and Khorasan provinces to fire blight disease. Seed and Plant 28:67-84. (In Farsi).

Mehrabipour S, Hassanzadeh N, Abdollahi H, Ghasemi AA (2010) The role of some quince stock (*Cydonia oblonga*) genotypes in susceptibility to fire blight disease. Applied Entomology and Phytopathology 78:26-42. (In Farsi).

Nikzad Gharehaghaji A, Arzani K, Abdollahi H, Shojaeian A, Dondini L, De Franceschi P (2014) Genomic characterization of self-incompatibility ribonucleases in the Iranian pear germplasm and introgression of new alleles from other species of the genus Pyrus. Tree Genetics and Genomics 10:411-428.

Powell W, Andre M, Hanafey CM, Vogel J, Tingey S, Rafalsky A (1996) The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding 2:225-23.

Razavi F, Arzani F, Vezvaee A (1999) Identification of local quince (*Cydonia oblonga* L.) genotypes in some parts of Isfahan province. Seed and Plant 15:354-374. (In Farsi).

Sabeti H (1994) Trees and Shrubs of Iran. Yazd University Publication, Yazd, Iran. 810 pp. (In Farsi).

Sanchez EE, Mendez RA, Daly LS, Boone RB, Jahn OL, Lombard PB (1988) Characterization of quince (*Cydonia*) cultivars using polyacrylamide gel electrophoresis. Journal of Environmental Horticulture 6:53-59.

Smith JSC, Smith OS (1992) Fingerprinting crop varieties. Advances in Agronomy 47:85-140.

Vavilov NI (1930) Wild progenitors of the fruit trees of Turkestan and the Caucasus and the problem of the origin of fruittrees. In: Proceedings of 9th InternationalHorticulture Congress. London, UK. pp. 271-286.

Yamamoto K, Heima K, Furukawa A, Ono M, Hashizume Y, Komurasaki H, Maeda S, Sato H, Kato N (2001). A 2.4-GHz-band 1.8-V operation single-chip Si-CMOS T/R-MMIC front-end with a low insertion loss switch. IEEE Journal of Solid-State Circuits 36:1186-1197.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-21]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1397.13.1.15.2]