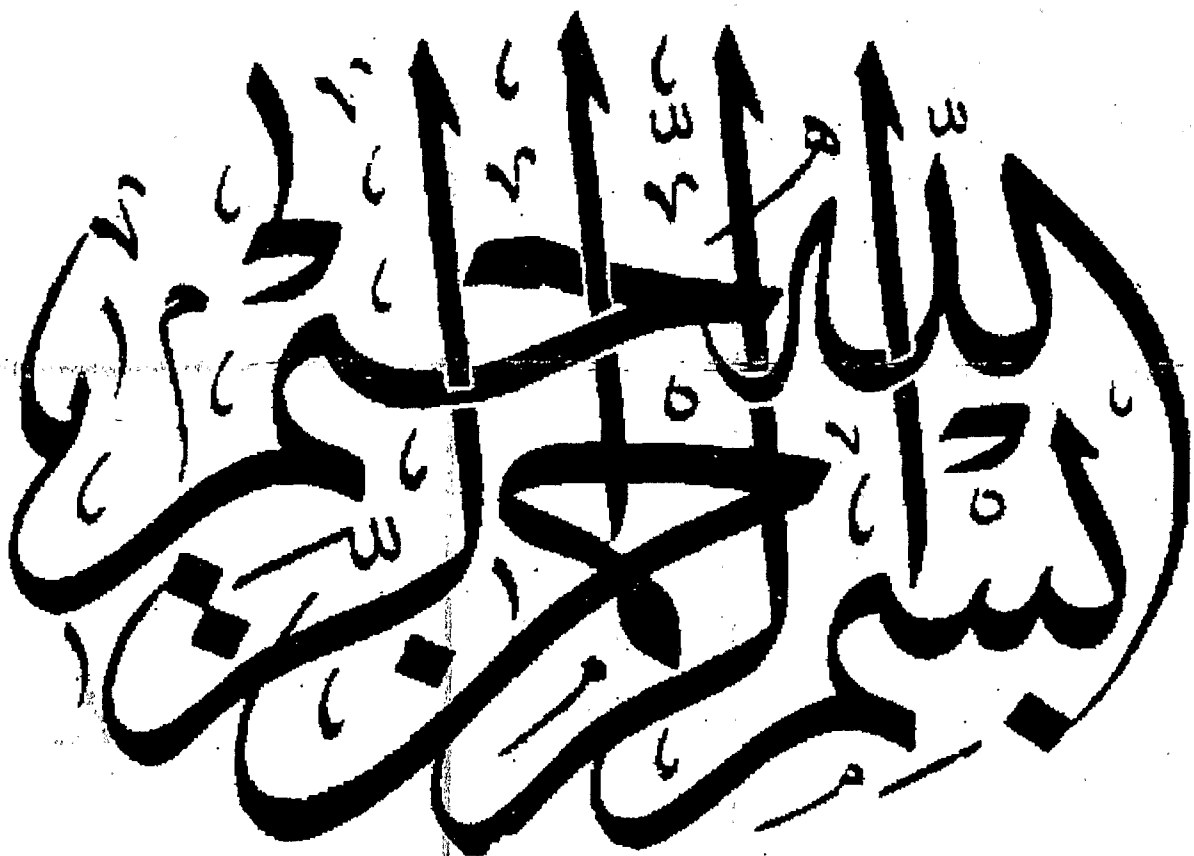


٩٤٢٧٨

دانشگاه زنجان
دانشکده کشاورزی
گروه زراعت و اصلاح نباتات

پایان نامه جهت اخذ درجه کارشناسی ارشد در رشته بیوتکنولوژی کشاورزی

عنوان

بررسی تنوع ژنتیکی انگورهای استان زنجان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

استاد راهنما

دکتر علی حق‌نظری

اساتید مشاور

دکتر ولی‌ا... ربیعی

مهندس جواد نجفی

تدوین

پریچهر سیروس‌نیا

۱۳۸۴/۹/۲۳

آبان ۱۳۸۵

۵ ع ۲۷۸

۳۴۹ ـ ک ـ ز
۸۵/۸/۱۵

دانشگاه زنجان

صورتجلسه دفاع از پایان نامه تحصیلی دوره کارشناسی ارشد

با تاییدات خداوند متعال و با استعانت از حضرت ولی عصر (عجل الله تعالی فرجه) جلسه دفاع از پایان نامه کارشناسی ارشد خانم **پریچهر سیروس‌نیا** دانشجوی رشته بیوتکنولوژی تحت عنوان:

بررسی تنوع ژنتیکی انگورهای استان زنجان با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

که در تاریخ ۸۵/۸/۱۳ با حضور هیات محترم داوران در دانشگاه زنجان برگزار گردید به شرح زیر است:

قبول(با درجه عالی امتیاز ۱۹/۳) دفاع مجدد مردود

نوزده و سه دهم

عالی(۲۰-۱۸)

بسیار خوب(۱۷/۹۹-۱۶)

خوب(۱۵/۹۹-۱۴)

قابل قبول(۱۳/۹۹-۱۲)

عضو هیات داوران	نام و نام خانوادگی	رتبه علمی	امضاء
۱- استاد راهنما	علی حق نظری	استادیار	
۲- استاد مشاور	ولی الله ربیعی	استادیار	
۳- استاد مشاور	جواد نجفی	مربی	
۴- استاد ممتحن	غلامرضا صالحی جوزانی	استادیار	
۵- استاد ممتحن	بهرام ملکی زنجانی	استادیار	
۶- نماینده تحصیلات تکمیلی	احمد گلچین	دانشیار	

دانشگاه زنجان
مدیریت تحصیلات تکمیلی
مدیریت تحصیلات تکمیلی
و
استعدادهای درخشان

تقدیم به:

تمامی اعضای خانواده‌ام

روح پدر و مادرم

همسرم و فرزندم شروین

تقدیر و تشکر

یزدان پاک را شکر می‌گذارم که به بنده ناچیز توفیق عطا فرمود تا قدم در راه علم و دانش بگذارم. زینت این تحقیق الطاف بزرگوارانی است که امیدوارم سپاس قلبی مرا پذیرا باشند.

از استاد راهنمای ارجمندم جناب آقای دکتر علی حق نظری که در طول دوره و در طی مراحل انجام پایان‌نامه همواره راهنمایی‌های ارزشمندشان راه‌گشای کارم بود خاضعانه قدردانی می نمایم.

از اساتید مشاورم جناب آقای دکتر ربیعی و جناب آقای مهندس نجفی که راهنمایی‌های آنها در پیشبرد پایان‌نامه شامل حالم بود تقدیر و تشکر می نمایم.

از جناب آقای دکتر بهرام ملکی و جناب آقای دکتر صالحی که زحمت بازخوانی پایان‌نامه را تقبل فرمودند سپاسگزارم.

از مدیر محترم گروه زراعت و اصلاح نباتات جناب آقای دکتر بزرگزاده و از ریاست محترم دانشکده و استاد ارجمند جناب آقای دکتر صبا بخاطر زحماتشان ممنون وسپاسگزارم.

از همکلاسی‌های عزیزم در این دوره آقایان مهندس علی عسکر نوحی، مهندس حسن رسولی، مهندس علی فتحی و مهندس سجاد صاری‌خان که در مدت این دوره همواره با همدلی، صمیمیت و کمک‌های ارزشمندشان اینجانب را یاری نمودند.

از تمامی دانشجویان کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات دانشگاه زنجان و از تمام دوستانم بالاخص سرکار خانم‌ها سمیرا بهرامی (دانشجوی دکتری فیزیک)، زهرا نجفی، مریم امراه‌زاده، لیلا صابری، صبا صبور و سارا ندرلو به خاطر همه زحماتشان تقدیر و تشکر می‌نمایم.

از اعضای خانواده‌ام، شمع فروزان وجودم مادرم، برادر و خواهرانم و همسرم که تشویق‌هایشان همواره مایه دلگرمیم بود خاضعانه تقدیر و سپاسگزاری می‌نمایم.

آبان ماه سال ۱۳۸۵

پریچهر سیروس‌نیا

فهرست مطالب

عنوان.....صفحه

فصل اول: مقدمه و کلیات

۱-۱- مقدمه ۲

۱-۲- گیاه شناسی ۳

۱-۳- تاریخچه و توسعه کشت انگور ۵

۱-۴- سطح زیر کشت، میزان تولید و عملکرد ۶

۱-۴-۱- میزان تولید ۶

۱-۴-۲- عملکرد در هکتار ۷

۱-۵- استفاده از ماکرومولکولها در سیستماتیک گیاهی ۸

۱-۶- نشانگرها ۱۰

۱-۶-۱- نشانگرهای مورفولوژیک و پروتئینی ۱۳

۱-۶-۲- نشانگرهای DNA ۱۵

۱-۷- ریزماهواره ۱۷

۱-۷-۱- شناسایی و جداسازی ریزماهواره های گیاهی ۱۷

۱-۷-۲- جایگاه ژنومی ریزماهواره ها ۱۸

۱-۸- پویایی در ریزماهواره ها ۱۹

۱-۸-۱- پیدایش ریزماهواره ها ۱۹

۱-۸-۱-۱- الحاق و جایگزینی نوکلئوتیدی ۱۹

۱-۸-۱-۲- عناصر متحرک و بوجود آمدن ریزماهواره ها ۲۰

۱-۹- آستانه حداقل برای بسط ریزماهواره ها ۲۱

۱-۱۰- مدل های جهشهای پویا در ریزماهواره ها ۲۱

۱-۱۰-۱- مکانیسم کراسینگ اور نامتقارن ۲۱

۱-۱۰-۲- سر خوردن پلیمراز در هنگام همانندسازی ۲۲

۱-۱۱- فاکتورهای موثر بر میزان جهش در ریزماهواره ها ۲۴

۱-۱۲- توزیع ریزماهواره ها بر روی ژنوم ۲۵

۱-۱۳- اهمیت کارکردی ریزماهواره ها ۲۵

۱-۱۴- اشکال مختلف ریزماهواره ها ۲۶

۱-۱۴-۱- ریزماهواره های کامل ۲۶

عنوان.....صفحه

۲-۱۴-۱- ریزماهواره های ناقص ۲۶
۳-۱۴-۱- ریزماهواره های مرکب ۲۷
۱۵-۱- دسترسی به آغازگرهای ریزماهواره ای ۲۷
۱۶-۱- جداسازی ریزماهواره ها ۲۸
۱۷-۱- روشهای انگشت نگاری از ریزماهواره ۳۰
۱۸-۱- تحلیل داده های مولکولی برای استنباط فیلوژنی ۳۲
۱۹-۱- تخمین فاصله ژنتیکی ۳۵
۲۰-۱- اندازه گیری فواصل و تشابهات ژنتیکی ۳۶
۲۱-۱- روش های آماری برای تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی ۳۸
۱-۲۱-۱- تجزیه خوشه ای ۳۸
۲-۲۱-۱- ضریب کوفنتیک ۴۱
۳-۲۱-۱- تجزیه به مولفه های اصلی ۴۱
۲۲-۱- معیارهای محتوی اطلاعاتی نشانگرها ۴۳
۱-۲۲-۱- احتمال یکسانی PI ۴۳
۲-۲۲-۱- قدرت تفکیک D ۴۴
۳-۲۲-۱- محتوی اطلاعاتی چند شکلی (PIC) ۴۴
۴-۲۲-۱- احتمال الل خنثی (R) ۴۴
۲۳-۱- ژل پلی آکریل آمید ۴۴

فصل دوم: بررسی منابع

۱-۲- مروری بر مطالعات انجام شده ۴۷
۲-۲- مترادف ها ۵۳
۳-۲- لاین های کلونی و موتانت های سوماتیکی ۵۴
۴-۲- تجزیه وتحلیل ریزماهواره های بدست آمده از EST ها در انگور ۵۵

عنوان.....صفحه

فصل سوم: مواد و روش‌ها

۳-۱- نمونه های گیاهی ۵۸
۳-۲- استخراج DNA ژنومی ۵۹
۳-۲-۱- تعیین کمیت و کیفیت دی ان ا استخراج شده ۶۳
۳-۳- آغازگرهای مورد استفاده: ۶۳
۳-۴- واکنش زنجیرهای پلیمراز (PCR) ۶۳
۳-۵- الکتروفورز محصولات PCR ۶۶
۳-۶- تهیه ژل پلی آکریل آمید ۶۹
۳-۷- امتیازبندی باندها ۷۱
۳-۸- نرم افزارهای مورد استفاده برای تجزیه و تحلیل آماری ۷۱

فصل چهارم: نتایج و بحث

۴-۱- تعیین کمیت و کیفیت DNA ژنومی ۷۳
۴-۲- تجزیه ریزماهواره ها ۷۳
۴-۳- آماره های توصیفی جمعیت ۷۵
۴-۴- تجزیه خوشه ای ۸۸
۴-۵- تجزیه به مولفه های اصلی (PCA) ۹۲
۴-۶- نتیجه گیری کلی ۹۵
۴-۷- پیشنهادات ۹۶
منابع ۹۷

فهرست شکل‌ها

عنوان ..... صفحه

شکل ۱-۱. تولید انگور به تفکیک استان در استان در سال ۱۳۸۲ ..... ۷

شکل ۲-۱. مولکول‌های حیاتی سیمانتیدی و مراحل مختلف تغییرات آنها ۹

شکل ۳-۱. مقایسه متابولیتهای ثانویه با ماکرومولکول‌ها ۱۰

شکل ۴-۱. دسته بندی نشانگرها ۱۶

شکل ۵-۱. تصویر یک عنصر mini-mi و بوجود آمدن ریزماهواره‌ها ۲۰

شکل ۶-۱. رابطه کراسینگ‌اور نامتقارن و جهش در مناطق ریزماهواره ۲۲

شکل ۷-۱. جهش در مناطق ریزماهواره بر اثر سر خوردن پلیمراز هنگام همانند سازی ۲۳

شکل ۸-۱. روش استاندارد برای جداسازی ریزماهواره‌ها ۲۹

شکل ۱-۴. نمونه های دی.ان.ا ژنومی بر روی ژل آگارز ۷۳

شکل ۲-۴. نشانگر ریزماهواره VVS1 اختصاصی انگور ۷۴

شکل ۳-۴. نشانگر ریزماهواره VVMD25 اختصاصی انگور ۷۴

شکل ۴-۴. هیستوگرام فراوانی‌های اللی مشاهده شده در هر مکان ژنی برای کل ژنوتیپ‌ها ۸۱

شکل ۵-۴. هیستوگرام فراوانی‌های اللی مشاهده شده در هر مکان ژنی برای دو گروه ژنوتیپی ۸۲

شکل ۶-۴. دندروگرام کل ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس الگوریتم UPGMA و ضریب Jaccard ۸۹

شکل ۷-۴. دندروگرام ژنوتیپ‌های استان زنجان بر اساس الگوریتم UPGMA و ضریب Jaccard ۹۱

شکل ۸-۴. دندروگرام ژنوتیپ‌های استان آ.ش. بر اساس الگوریتم UPGMA و ضریب Jaccard ۹۱

شکل ۹-۴. تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس ضریب ژاکارد برای کل ژنوتیپ‌ها ۹۳

شکل ۱۰-۴. تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس ضریب ژاکارد برای ژنوتیپ‌های زنجان ۹۴

شکل ۱۱-۴. تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس ضریب ژاکارد برای ژنوتیپ‌های آ.ش. ۹۴

فهرست جداول

عنوان ..... صفحه

جدول ۱-۳. لیست اسامی ارقام انگور استفاده شده در این تحقیق ۵۸

جدول ۲-۳. بافرهای استخراج استفاده شده و اجزای تشکیل دهنده آنها ۶۰

جدول ۳-۳. لیست آغازگرهای مورد استفاده به همراه توالی و دمای اتصال آنها ۶۴

جدول ۴-۳. لیست مواد پی سی آر و غلظت های آنها برای یک واکنش ۱۵ میکرولیتری ۶۵

جدول ۵-۳. چرخه‌های حرارتی استفاده شده برای آغازگری با دمای اتصال ۵۶ درجه سانتی گراد ۶۶

جدول ۱-۴. تعداد اللهای مشاهده شده، تعداد موثر آللها و میانگین آنها در هر مکان ژنی ۷۵

جدول ۲-۴. فراوانی‌های آللی مربوط به هشت مکان ژنی ریزماهواره انگور در کل ژنوتیپ‌ها ۷۸

جدول ۳-۴. فراوانی‌های آللی مربوط به هشت مکان ژنی ریزماهواره انگور در ژنوتیپ‌های زنجان ۷۹

جدول ۴-۴. فراوانی‌های آللی مربوط به هشت مکان ژنی ریزماهواره انگور در ژنوتیپ‌های آ.ش. ۸۰

جدول ۵-۴. مقادیر هتروزیگوسیتی مورد انتظار، مشاهده شده و شاخص شانون ۸۴

جدول ۶-۴.احتمال یکسانی برای کل ژنوتیپ‌ها و دو گروه ژنوتیپی مجزا ۸۶

چکیده

استان زنجان با ۵/۲۲ درصد سهم در سطح بارور انگور کشور در رتبه هفتم قرار گرفته‌است. هدف از انجام این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی انگورهای استان زنجان با نشانگرهای ریزماهواره و تا حد امکان مقایسه نتایج حاصل با نتایج مربوط به انگورهای سایر مناطق جغرافیایی می باشد که برای مثال در این تحقیق مقایسه با ژنوتیپ های استان آ.ش انجام شده است. در این تحقیق نمونه های برگی ۲۵ ژنوتیپ از انگورهای استان زنجان (باغات شهرستان خرمدره) و ۲۱ ژنوتیپ از انگورهای استان آذربایجان شرقی جمع آوری گردیدند. استخراج دی.ان.ا با تلفیق پروتکل معرفی شده توسط هانانیا و پروتکل پایه CTAB انجام شد. واکنش پی.سی.آر در ۱۵ میکرولیتر تنظیم گردید و نمونه های مورد تحقیق با استفاده از ۸ جفت آغازگر ریزماهواره مورد تکثیر قرار گرفتند. محصولات پی.سی. آر روی ژل ۵٪ آکریل‌آمید با دستگاه اتوماتیک جداسازی شدند. تعداد کل آللها در کل ژنوتیپها ۵۴ آلل و در ژنوتیپهای زنجان و آ.ش به ترتیب برابر ۵۰ و ۵۲ آلل بودند. تعداد آللها در جایگاهها از ۱۰-۳ آلل متفاوت بود. پایین ترین میزان هتروزیگوسیتی با ۴۳٪ در ژنوتیپهای آ.ش و بالاترین میزان آن با ۷۲٪ در ژنوتیپهای زنجان مشاهده گردید. احتمال یکسانی کل برای کل ژنوتیپها $۱/۹ \times ۱۰^{-۹}$ بدست آمد. بیشترین میزان PIC متعلق به جایگاههای VVS1 و VVMD25 با ۰/۸۶۷ و ۰/۸۶۶ بود. میزان تمایز ژنتیکی بین دو گروه ژنوتیپی Fst برابر با ۰/۰۱۶ بدست آمد. شباهت ژنتیکی نی به میزان ۹۰٪ بین دو گروه ژنوتیپی حاکی از شباهت ژنتیکی بالای ژنوتیپهای این دو گروه نسبت به همدیگر می باشد. در نهایت جایگاههای VVS1 و VVMD25 به عنوان چندشکل ترین اللها و جایگاههای VVS3 و VVMD6 به عنوان جایگاههای با پایین ترین میزان چندشکلی معرفی گردیدند.

فصل اول
مقدمه و کلیات

۱-۱- مقدمه

امروزه نشانگرهای ریزماهواره از مقبولیت خاصی برای شناسایی ارقام انگور برخوردار هستند. این نشانگرها کاربردهای وسیعی از شناسایی ارقام بر مبنای بخش‌های مختلف گیاه تا ایجاد شجره و ترسیم نقشه های ژنتیکی دارند. قبل از ایجاد و توسعه این تکنیک، روش های زیادی به منظور توسعه یک روش قابل اطمینان شناسایی ژنوتیپ‌ها به منظور مدیریت کلکسیون‌های انگور مورد آزمون قرار گرفته‌اند. از جمله این روش‌ها می‌توان به روش‌های سنتی شناسایی و تشخیص ارقام مانند آمپلوگرافی[1] (رشته‌ای از علوم راجع به گیاه مو، که به شناسایی گیاه‌شناسی، صفات زراعی و بیولوژیکی جنس‌ها، گونه‌ها و ارقام مختلف مو می پردازد) و آمپلومتری[2] (برمبنای تفاوتهای مورفولوژیکی بین ارقام) اشاره نمود. این روش‌ها دارای چندین محدودیت می‌باشند [۴۰] که عبارتند از:

۱- در این روش‌ها برگ‌های کاملا رشد کرده برای شناسایی ارقام مورد نیاز هستند که کاربرد این روش‌ها را به طول دوره رشد کامل برگ‌های گیاه محدود می‌کند، در حالیکه تجارت گیاه انگور به صورت قلمه های چوبی می‌باشد که در اغلب موارد شناسایی ارقام توسط روش‌های مذکور غیر ممکن خواهد بود.

۲- فنوتیپ گیاه به شدت تحت تاثیر محیط و شرایط تغذیه‌ای و سلامتی گیاه قرار می‌گیرد. محیط‌های مختلف، شرایط تغذیه‌ای و آلودگی‌های مختلف می توانند باعث ایجاد اختلافات قابل توجهی در مورفولوژی و در نتیجه اشتباه در نتایج آمپلوگرافی شوند.

۳- کل ارقام موجود در کلکسیون جهانی آمپلوگرافی در حدود ۱۵۰۰۰ می‌باشد و تعداد ارقام مورد استفاده در جهان بیش از این میزان است. با توجه به این مسئله اگر حتی گیاهان در

---

[1]: Ampleography
[2]: Ampleometry

شرایط عالی به‌سر برند، شناسایی این تعداد گیاه با استفاده از اختلافات مورفولوژیکی بی‌نهایت مشکل خواهد بود.

۴- به کارگیری روش‌های آمپلوگرافی نیازمند افراد ماهر می‌باشد. آموزش افرادی که بتوانند تمام ارقام را با استفاده از تفاوت‌های مورفولوژیکی شناسایی کنند، بسیار مشکل است.

به این دلایل روش‌های جایگزین دیگری که بتوانند تفاوت‌ها را در سطح ژنوتیپ تشخیص دهند، مورد نیاز بود. طی بیست سال گذشته تکنیک‌های مختلفی برای شناسایی مولکولی موجودات زنده توسعه پیدا کرده‌اند و همه آنها برای شناسایی ارقام انگور مورد استفاده قرار گرفته‌اند. در بین تمام این تکنیک‌ها، قدرت فوق‌العاده نشانگرهای ریزماهواره برای شناسایی واریته‌های زراعی و پایه‌های انگور در مطالعات متعددی نشان داده شده است[۵۴،۴۴،۴۳]. از نظر تئوری پنج نشانگر غیرپیوسته با فرض اینکه هرکدام پنج الل داشته باشند، می‌توانند بیش از ۷۰۰۰۰۰ ژنوتیپ متفاوت ایجاد کنند [۴۰].

۲-۱- گیاه شناسی

مو گیاهی است از تیره آمپلی‌داسه[1] که آن را سارمانتاسه[2] و یا ویتاسه[3] نیز می‌نامند. این تیره شامل ده جنس مختلف است که عده‌ای از آنان جزو گیاهان زینتی بوده و جنس‌های دیگر به استثنای جنس ویتیس[4] که از لحاظ تغذیه مورد توجه می باشد، فاقد اهمیت اقتصادی است. جنس ویتیس به نوبه خود دارای دو زیرجنس است که از لحاظ تعداد کروموزوم متفاوت بوده و از یکدیگر قابل تشخیص هستند [۲]. این دو زیرجنس عبارتند از:

1: *Amplidacaea*
2: *Sarmantacaea*
3: *Vitacaea*
4: Vitis

۱- زیرجنس موسکادینه[1]: تمامی گونه‌های این زیرجنس وحشی بوده و تعداد کروموزوم‌های آن (۲n=۴۰) می‌باشد.

۲- زیرجنس یوویتیس[2]: این زیر جنس دارای گونه‌های وحشی بسیار زیادی است (۳۵ گونه) و تعداد کروموزوم‌های این زیرجنس (۲n=۳۸) بوده و همه گونه‌های قابل کشت که از نظر اقتصادی مهم هستند به این زیر جنس تعلق دارند.

مهمترین گونه‌های زراعی این زیرجنس عبارتند از:

۱- ویتیس استیوالیس[3]

۲- ویتیس لابروسکا[4]

۳- ویتیس ریپاریا[5]

۴- ویتیس سینرآ[6]

۵- ویتیس برلاندری[7]

۶- ویتیس آمورنسیس یا ونیفیرا[8]

خود ویتیس ونیفرا دارای دو زیرگونه است:

الف- سیلوستریس[9] که در اروپا، شمال غرب آفریقا، ترکیه و فلسطین کشت می‌شود.

ب- قفقازی[10] که در جنوب روسیه، ارمنستان، قفقاز، ایران، ترکمنستان و کشمیر پراکنده است.

همه ارقام و پایه‌های زراعی در ایران به گونه *V.vinifera* تعلق دارند.

---

[1]: Muscadinae
[2]: *Euvitis planch*
[3]: *Vitis aestivalis*
[4]: *Vitis lobrusca*
[5]: *Vitis riparia*
[6]: *Vitis cineraea*
[7]: *Vitis berlanderi*
[8]: *V. amurensis* or *V. vinifera*
[9]: Sylvestris
[10]: Caucasia

۳-۱- تاریخچه و توسعه کشت انگور

انگور یکی از مهمترین میوه‌هایی است که از زمانهای بسیار قدیم مورد استفاده بشر قرار گرفته است. به طور کلی دو نظریه متفاوت در مورد دیرینگی انگور وجود دارد. عده‌ای از آگاهان معتقدند که انگور حتی پیش از پیدایش غلات مورد استفاده بشر قرار گرفته است [۲]. انگور به طور وحشی و به مقدار فراوان در جنگل‌ها وجود داشته و انسان‌های اولیه از برگ و میوه آن بهره می‌جستند. عده‌ای دیگر نیز دیرینگی انگور را در حدود ۶ تا ۷ هزار سال تخمین می‌زنند. در نگاره‌های موزائیکی مصری که به ۳۵۰۰ سال پیش از میلاد تعلق داشته و به دوره سلطه فنیقی‌ها و آشوری‌ها بر مصر مربوط می‌شود، می‌توان چگونگی کاشت و پرورش تاک را به طور کامل مشاهده کرد [۲]. در دوران سلطنت هامورابی پادشاه بابل (۱۷۲۸-۱۶۸۶ قبل از میلاد) تاکستانهای فراوانی در منطقه پهناور بین رودخانه‌های دجله و فرات وجود داشته که به طور مصنوعی آبیاری می‌شده‌اند. بر طبق نظریه مورخین شخصی به نام سایبولد[1] بذر انگورهای کاشت شده را از منطقه‌ای نامعلوم به جنوب آرارات و شرق دجله (تقریبا مناطق آذربایجان و کردستان) آورد [۲]. پرورش انگور در آسیای صغیر از حدود ۲۵۰۰-۲۰۰۰ سال پیش از میلاد مسیح شروع شد و توسط مهاجرین از طریق دریای مدیترانه به کشورهای بالکان گسترش یافته است. بر طبق نشانه‌های بدست آمده، یونانیان در حدود ۲۰۰۰ سال پیش از میلاد پرورش انگور را در کشورهای خود آغاز کردند. مبدا تاریخی کشت انگور در ایران به طور دقیق معلوم نیست، اما بر طبق نظر متخصصین کاشت انگور حداقل از ۲ هزار سال پیش از میلاد در ایران مرسوم بوده است [۲].

---

[1]: Sybold

٤-١- سطح زیر کشت، میزان تولید و عملکرد

سطح زیر کشت جهانی انگور بر اساس آمار سال ۲۰۰۵ سازمان FAO حدود ۷۳۲۰ هزار هکتار با متوسط تولید ۹۰۷۲ کیلوگرم در هکتار می باشد و میزان تولید جهانی این محصول برابر ۶۶۴۱۳ هزار تن می‌باشد [۱۷].

سطح زیرکشت تاکستانهای کشور با احتساب درختان پراکنده انگور بر اساس آمار سال زراعی ۱۳۸۲-۱۳۸۱ حدود ۳۰۶ هزار هکتار بوده که ۹۱/۳۵ درصد آن درختان بارور مو می باشند. ۲۷۹ هزارهکتار سطح بارور تاکستانهای کشور ۷۵/۲۷ درصد آن آبیاری می‌گردد. استان فارس با سهم ۲۰/۶۸ درصد سطح بارور تاکستانهای کشور از نظر سطح در جایگاه نخست قرار دارد. استانهای خراسان، قزوین، آذربایجان شرقی، آذربایجان غربی، همدان و زنجان به ترتیب با ۱۶/۳۲، ۱۱/۹۹، ۷/۸۳، ۷/۴۵، ۶/۶۴ و ۵/۲۲ درصد سهم در سطح بارور انگور کشور در رتبه‌های بعدی قرار گرفته‌اند. در مجموع ۷۶/۱۴ درصد سطح بارور انگور کشور در این هفت استان می‌باشد و سایر استانها ۲۳/۸۶ درصد سطح بارور انگور کشور را به خود اختصاص داده‌اند.

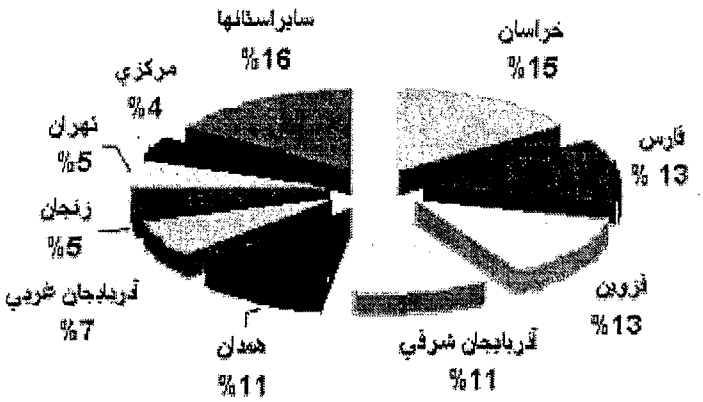
١-٤-١- میزان تولید

میزان تولید انگور کشور بر اساس آمار سال زراعی ۱۳۸۲-۱۳۸۱ ، حدود۲/۸۷ میلیون تن بوده که ۸۹/۳۹ درصد آن از کشت آبی حاصل شده است. استان خراسان علیرغم رتبه دوم در سطح بارور با ۱۵/۴۲ درصد تولید انگور کشور، در جایگاه نخست تولید این محصول قرار دارد. استان فارس نیز با وجود اختصاص رتبه نخست سطح بارور ، از نظر تولید با سهم ۱۲/۹۶ درصد در تولید، در جایگاه دوم تولید کنندگان انگور جای گرفته است. استانهای قزوین، آذربایجان شرقی و همدان و

به ترتیب با ۱۲/۶۲ ، ۱۱/۴۸ و ۱۰/۹۷ درصد از تولید انگور کشور در جایگاههای سوم تا پنجم قرار دارند (شکل ۱-۱).

۲-٤-۱- عملکرد در هکتار

میزان تولید در یک هکتار انگور آبی کشور بر اساس آمار سال زراعی ۱۳۸۲-۱۳۸۱ ، ۱۲۲۰۷ کیلوگرم می‌باشد که بالاترین راندمان تولید آبی ۳۰۱۸۰ کیلوگرم در هکتار متعلق به استان کهکیلویه و بویراحمد و کمترین راندمان تولید آبی ۲۹۰۷ کیلوگرم در هکتار متعلق به استان اردبیل می‌باشد. متوسط تولید یک هکتار انگور دیم کشور ۴۴۱۲ کیلوگرم بوده است که بیشترین و کمترین عملکرد دیم به ترتیب با ۱۲۵۰۰ و ۵۵۶ کیلوگرم در هکتار به استان‌های گلستان و بوشهر اختصاص یافته است.



شکل ۱-۱. تولید انگور به تفکیک استان در سال ۱۳۸۲ [۱].

۵-۱- استفاده از ماکرومولکول‌ها در سیستماتیک گیاهی

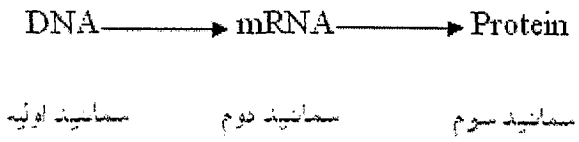
در بحث استفاده از ماکرومولکول‌ها در سیستماتیک گیاهی فرض بر این است که خصوصیات به کار رفته در این تقسیم بندی‌ها اساس وراثتی دارند و هر چقدر حالت‌های یک صفت بیشتر منعکس کننده اختلافات وراثتی باشد، تفسیر سیستماتیک و فیلوژنتیک انجام شده قوی‌تر است. بدین ترتیب می‌توان گفت که خود ماده وراثتی یا همان DNA اساسی‌ترین یا زیربنایی‌ترین خصوصیات را که ممکن است برای اهداف طبقه بندی و فیلوژنی به کار روند، در اختیار می‌گذارد. علاوه بر این، ماده وراثتی از یک نسل به نسل دیگر منتقل می‌شود و تغییرات موجود در طول زمان نهایتا نتیجه انتقال تغییرات وراثتی به نسلهای بعدی می‌باشد. آنچه که گفته شد دلیل بنیادی استفاده از DNA در مطالعات فیلوژنی گیاهی را روشن می‌کند.

زوکر کاندل[1] و پاولینگ[2] درسال ۱۹۶۵ مولکول‌های حیاتی را به سه گروه تقسیم نمودند [۶۰]. سمانتیدها[3] مولکولهایی هستند که اطلاعات وراثتی یا نسخه‌ای از اطلاعات وراثتی را حمل می‌نمایند. از دیدگاه واژه‌شناسی وراثتی آنها، ژنها را سمانتیدهای اولیه نامیدند. با توجه به اینکه برخی از ردیف‌های DNA با نام اینترون پس از نسخه برداری حذف می‌شوند و به ساختار mRNA بالغ منتقل نمی‌گردند، بدین ترتیب در این مرحله قدری افت اطلاعات وجود دارد. بر همین اساس mRNA یک سمانتید دوم محسوب می‌شود.

علاوه بر این افت قابل ملاحظه‌ای در مرحله گذار از mRNA به پلی‌پپتیدها وجود دارد. افت کدهای اسیدهای آمینه که به علت پدیده ترادف ژنتیکی روی می‌دهد این معنی را می‌رساند که

1: Zucerkandl
2: Pauling
3: Semantides

ردیف کامل mRNA را نمی‌توان بر اساس ردیف اسیدهای آمینه پروتئین مربوطه بدست آورد. بنابراین پروتئین ها به عنوان سمانتید سوم محسوب می‌شوند (شکل ۲-۱).



شکل ۲-۱. مولکول‌های حیاتی سیمانتیدی و مراحل مختلف تغییرات آنها: DNA به عنوان یک سمانتید اولیه واجد بیشترین محتوی اطلاعاتی است . از سمت DNA به mRNA و در نهایت به سمت پروتئین از میزان محتوی اطلاعاتی آنها کاسته خواهد شد.

در بسیاری از مطالعات سیستماتیک که ماکرومولکول‌ها (عمدتا پروتئین‌ها و DNA) را به کار می‌برند، هیچگونه ردیف خوانی صورت نمی‌گیرد بلکه اختلافات بین مولکول‌ها عمدتا از طریق استفاده از الکتروفورز مورد مطالعه قرار می‌گیرند. مقایسه اجمالی ماکرومولکول‌ها با متابولیت‌های ثانویه اختلافات بسیاری را در محتوی اطلاعاتی آنها آشکار می‌سازد و این بدان معنی است که متابولیت‌های ثانویه فاصله‌ای دورتر از ماده وراثتی را نشان می‌دهند تا ماکرومولکول‌ها.

به مولکول‌هایی که سنتز آنها به وسیله پروتئین‌ها (سمانتیدهای سوم) مهار می‌گردد مولکول‌های اپی سمانتیک[1] اطلاق می‌شود (شکل ۳-۱). مولکول‌های اپی سمانتیک تا حدی می‌توانند برای مطالعات فیلوژنتیک کاربرد داشته باشند. اما دانشمندان استدلال می‌کنند که چنین مطالعاتی باید به صورت مستقل و با مطالعات مستقیم یا غیرمستقیم سمانتیدها مورد تایید قرار گیرند. قبل از به کارگیری مولکول‌های اپی سمانتیک باید مشخص نمود که آیا این مولکول‌ها در گیاهان مختلف از راه بیوسنتزی مشابهی سنتز می‌شوند یا نه؟ زوکر کاندل و پاولینگ (۱۹۶۵) اظهار کرده‌اند

[1]: Episemantic