جامعة دمشق
كلية الزراعة
قسم علوم البستنة

دراسة وراثية لظاهرة عدم التوافق الذاتي في بعض أصناف الإجاص

Genetic Study of Self incompatibility in Some Pear Varieties

رسالة أعدت لنيل درجة الدكتوراه في الهندسة الزراعية– اختصاص علوم البستنة

إعداد

نوران خليل مصطفى

إشراف

المشرف المشارك

د . سلام لاوند

جامعة دمشق- كلية الزراعة

المشرف العلمي

أ . د . فيصل حامد

جامعة دمشق كلية الزراعة

شهادة

قدمت هذه الرسالة "**دراسة وراثية لظاهرة عدم التوافق الذاتي في بعض أصناف الإجاص**" من قبل المرشحة "**نوران خليل مصطفى**" استكمالاً لمتطلبات نيل درجة الدتوراه في الهندسة الزراعية بجامعة دمشق، كلية الهندسة الزراعية، قسم علوم البستنة، حيث نوقشت بتاريخ 2018/7/19.

Certification

This thesis "**Genetic Study Of self-incompatibility in Some Pear Varieties**" has been submitted by Candidate. **Nouran Khalil Moustafa** as partial fulfillment of the requirements of Ph. D degree, at Horticulture Science Department at the Faculty of Agriculture, Damascus University. And has been discussed and authorized on 19/7/2018.

لجنة الحكم Judgment Committee

الأستاذ الدكتور فيصل حامد- أستاذ في قسم علوم البستنة- كلية الزراعة جامعة دمشق (عضواً مشرفاً).

الأستاذ الدكتور عماد العيسى- أستاذ في قسم علوم البستنة- كلية الزراعة جامعة دمشق (عضواً).

الأستاذ الدكتور محمد بطحة- أستاذ في قسم علوم البستنة- كلية الزراعة جامعة دمشق (عضواً).

الأستاذ الدكتور غسان عبدالله- أستاذ في قسم علوم البستنة- كلية الزراعة جامعة حلب (عضواً).

الدكتور رمزي مرشد- أستاذ مساعد في قسم علوم البستنة- كلية الزراعة جامعة دمشق (عضواً).

شهادة

نشهد بأن العمل الموصوف في هذه الرسالة " **دراسة وراثية لظاهرة عدم التوافق الذاتي في بعض أصناف الإجاص** " هو نتيجة بحث علمي قامت به المرشحة "**نوران خليل مصطفى**" تحت إشراف الأستاذ الدكتور **فيصل حامد،** كلية الهندسة الزراعية، جامعة دمشق، والدكتورة **سلام لاوند،** كلية الهندسة الزراعية، جامعة دمشق. وأن أية معلومات أوطرائق أونتائج أخرى ذكرت في الأطروحة قد نسبت إلى مصادرها ومؤلفيها في النص وفي قائمة المراجع.

المرشحة

نوران خليل مصطفى

المشرفون العلميون

د.سلام لاوند **أ.د. فيصل حامد**

Certification

It is herby certificated that the work described in this thesis "**Genetic Study Of self-incompatibility in Some Pear Varieties**" is the result of the scientific research done by candidate **Nouran Khalil Moustafa** under the supervision of **Dr.Faisal Hamed** and **Dr Salam Lawand**, Faculty of Agriculture, Damascus University. And any references to other research work have been duly acknowledged in the text.

Candidate

Nouran Khalil Moustafa

Supervisors

Dr. Salam Lawand **Dr. Faisal Hamed**

تصريح

أصرح بأن هذا البحث " **دراسة وراثية لظاهرة عدم التوافق الذاتي في بعض أصناف الإجاص**" لم يسبق أن قبل للحصول على أيّ شهادة، وهوغير مقدم حالياً للحصول على شهادة أخرى.

المرشحة

نوران خليل مصطفى

Declaration

It is Herby that the work described in this thesis "**Genetic Study Of self-incompatibility in Some Pear Varieties**" has not already been accepted for any degree, and it is not being submitted concurrently for any other degree.

Candidate

Nouran Khalil Moustafa

كلمة شكر

إلى من يرانا ولا نراه، سبحانه في علاه، رب العزة لا إله إلاه، الحمد لله حمداً كثيراً على ما أعطاه.

فيض من الكلمات والجمل تمر بخاطري في هذه اللحظات... لحظات نهاية محطة من حياتي يغلفها الحب والتعب والحنين، فأجد نفسي حائرة متأملة أمام عاصفة الحب والتمني التي تجتاحني أمام أسماء وصور رسمت تفاصيلها في مخيلتي، أستجمع افكاري وكياني أمامها لأكتب بضع كلمات علّي أوفي بها جزءاً من العرفان.

أتوجه بدايةً بالشكر إلى إدارة كلية الزراعة بجامعة دمشق ممثلة بكل من السادة الأستاذ الدكتور عبد الوهاب مرعي عميد الكلية، والأستاذ الدكتور عماد العيسى وكيل الكلية للشؤون العلمية، والأستاذ الدكتور محمد خير طحلة وكيل الكلية للشؤون الإدارية على دعمهم المتواصل لطلاب الدراسات العليا.

كما أتقدم بجزيل الشكر والعرفان للسادة الأساتذة أعضاء لجنة الحكم لتحملهم عناء قراءة وتصفح الرسالة وطرح التفاصيل القيمة والنقد البناءالذي يرفع من قيمة هذا البحث.

أتوجه بخالص الشكر والتقدير للأستاذ الدكتور فيصل حامد المشرف العلمي على هذه الرسالة لتكرمه بالإشراف على هذه الرسالة وجهوده المشكورة لإتمام هذا البحث.

أما بالغ المحبة والشكر والإعزاز فأقدمها إلى الإنسانة العظيمة التي ما توانت عن تقديم دعمها وعلمها ومحبتها، وكانت الصديقة والأخت والمعلمة، فتفضلت مشكورة بقبول هذا البحث وقبولي طالبة تحت كنفها، وبذلت ما استطاعت من جهد ووقت وعطاء لإتمام هذا البحث وإظهاره بالشكل الأمثل، المشرف المشارك، معلمتي الغالية الدكتورة سلام لاوند، لكِ مني كل المحبة وفائق التقدير.

كلمات الشكر موصولة للأستاذ المربي الفاضل نبيه علي رضا الخال الغالي والمعلم الفاضل لتكرمه بمراجعة هذه الرسالة وتقويمها لغوياً.

كما أتوجه بالشكر الجزيل لأساتذتي الأفاضل في قسم علوم البستنة والذين ما توانوا عن تقديم الدعم والمشورة عند طلبها ممثلين بالدكتور غسان شورى رئيس القسم، والأساتذة الأفاضل في قسم

المحاصيل الحقلية على دعمهم واستضافتهم لي وللبحث في مخبر التقانات الحيوية التابع لقسم المحاصيل الحقلية وأخص بالذكر الأستاذ الدكتور أيمن الشحاذة العودة رئيس القسم، والأستاذ الدكتور يوسف نمر.

كما أتقدم بأصدق الشكر والاحترام والتقدير للأستاذ الدكتور غسان إبراهيم رئيس قسم وقاية النبات والذي ما بخل بتقديم الدعم والمساعدة القيمة.

وبخالص المحبة أتقدم لزملاء وأصدقاء جمعتنا لحظات محبة ونجاح وتعب فكنا فريقاً واحداً ويداً واحدة، الدكتور جورج طربين، الدكتورة فاطمة الجنعير، المهندسة ديمة صبورة، المهندسة ديمن طاهر، الدكتور عزة خلوف، الدكتورة روضة سكر غالي والمهندسة رنا أبو سعد، أطلب من الله عز وجل لي ولكم كل التوفيق والنجاح.

أهدي هذه الرسالة إلى من دعمني ووقف بجانبي وما توانى لحظة عن تثبيتي والشد من عزيمتي من بداية الحلم وصولاً للحظة تحقيقه، إلى أبي وأمي، لن تفي كلماتي مهما طالت حقكم ومحبتكم، ولن أكون ما كنت لولاكم، ما أهديها لإخوتي الذين عشت ولازلت معهم أحلى الأيام أدامها الله، وإلى أسرتي الصغيرة زوجي الحبيب الذي ما بخل بالدعم والمحبة وكان نعم السند في لحظات التعب،وبارقتا الأمل طفلي الحبيبين وشمعتاي المضيئتين شهد وجواد حفظهما الله.

لكل الأهل والأقارب، لكل من وقف معي وشاركني حتى بالدعاء الصادق، لكم مني خالص الشكر وكل المحبة.

لكم جميعاً أهدي شكري

نوران

الفهرس

الموضوع	الصفحة
✓ فهرس الأشكال	
✓ فهرس الجداول	
✓ فهرس المصطلحات العلمية	
✓ الملخص العربي	1
✓ الفصل الأول:	3
1-1- المقدمة	4
1-2-1 مبررات البحث	10
1-2-2 أهداف البحث	10
✓ الفصل الثاني: الدراسة المرجعية	11
2-1 عدم التوافق الذاتي	12
2-2 المؤشرات الجزيئية وظاهرة عدم التوافق الذاتي	14
2-3 أهمية التنوع الحيوي	18
2-4 استخدام التقانات الحيوية	19
2-5 الواسمات (المؤشرات) الجزيئية	20
2-6 تفاعل PCR	21
2-7 التوابع الدقيقة Micro satellite	24
2-7-1 تقنية ISSR	25
2-7-2 تقنية SSR	30
✓ الفصل الثالث: مواد البحث وطرائقه	35
3-1 المادة النباتية	36
3-2 الدراسة الوراثية	37
3-2-1 استخلاص الـ DNA	38
3-2-2 التقدير الكمي والنوعي للحمض الريبي النووي DNAبواسطة الأشعة فوق البنفسجية	40

3-2-3 تطبيق تقنية (ISSR) Inter Simple sequence Repeats	40
3-2-4 الرحلان الكهربائي والتلوين والتصوير	43
3-2-5 دراسة القرابة الوراثية باستخدام بادئات قرائن المورثة S	43
3-2-6 تحديد القرائن التابعة لمورثة العقم الذاتي في الإجاص	46
3-2-7 التحليل الإحصائي	48
✓ الفصل الرابع: النتائج والمناقشة	49
4-1 دراسة درجة القرابة الوراثية باستخدام تقنية التكرارات الترادفية البسيطة ISSR	50
4-1-1- اختبار جودة الـDNA على هلامة الأغاروز بواسطة الرحلان الكهربائي	50
4-1-2- تقدير تركيز الـDNA باستخدام المطياف الضوئي UV- Spectrophotometer	51
4-1-3- التعددية الشكلية الناتجة عن تطبيق تقنية ISSR في طرز الإجاص المدروسة	51
4-2 التعددية الشكلية الناتجة عن بادئات قرائن المورثة S في أصناف الإجاص المدروسة	59
4-3 مقارنة بين تقنيتي الـ ISSR وتحديد درجة القرابة باستخدام بادئات قرائن المورثة S	65
4-4 تحديد الأنماط الشكلية لمورثة عدم التوافق الذاتي S ودراسة القرائن في الطرز المدروسة	71
4-5 تصنيف القرائن الناتجة	80
4-6 دراسة التوافق بين الطرز المدروسة اعتماداً على قرائن مورثة عدم التوافق الذاتي S	84
✓ الفصل الخامس: الاستنتاجات والمقترحات	121
5-1- الاستنتاجات	122
5-2- المقترحات والتوصيات	123
✓ الملاحق	124
✓ المراجع	126

المراجع العربية	126
المراجع الأجنبية	128
✓ **الملخص الإنكليزي**	145
✓ **عناوين المقالات المنشورة من البحث وأسماء المجلات العلمية التي تم النشر بها وتاريخ النشر**	148

فهرس الأشكال

	الشكل	الصفحة
الشكل(1):	مراحل تفاعل الـ PCR وتضاعف الـ DNA بشكل أسي	22
الشكل(2):	قطعة Micro Satellite ذات الترتيب $(AT)_{14}$ محصورة ضمن DNA	25
الشكل(3):	هلامة الأغاروز بتركيز 0.8% لتحديد نوعية الحمض النووي DNA	50
الشكل (4):	نواتج تضخيم البادئ 230/ 33 مع الأصناف المدروسة والحزمة الفريدة في هذا البادئ	51
الشكل (5):	شجرة القرابة الوراثية بين الأصناف المدروسة اعتماداً على تقنية ISSR	58
الشكل (6):	الحزمة الفريدة مع زوج البادئات (AUAP+ 9)	63
الشكل (7):	شجرة القرابة الوراثية بين الأصناف المدروسة	65
الشكل (8):	نواتج تضخيم القرين S36 مع الأصناف المدروسة	71

فهرس الجداول

	الجدول	الصفحة
الجدول(1):	مساحة وإنتاجية الإجاص خلال الأعوام 2001-2016 في سورية	7
الجدول(2):	مساحة وإنتاجية الإجاص في المحافظات السورية خلال العام 2016	8
الجدول(3):	أهم المواصفات الشكلية لأصناف الإجاص المدروسة	37
الجدول(4):	أهم المواصفات الإنتاجية لأصناف الإجاص المدروسة	37
الجدول(5):	الرموز والتسلسل النكليوتيدي ودرجة الحرارة لبادئات ISSR المستخدمة	41
الجدول(6):	مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR لتقنية ISSR	42
الجدول(7):	الرموز والتسلسل النكليوتيدي ودرجة الحرارة لأزواج بادئات القرائن المستخدمة	44
الجدول(8):	مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR لتقنية SSR	45
الجدول(9):	رموز والتسلسل النكليوتيدي لأزواج القرائن المستخدمة ودرجة حرارة التفاعلات لقرائن مورثة عدم التوافق الذاتي	47
الجدول(10):	عدد الحزم الكلية وعدد الحزم المتعددة شكلياً والنسبة المئوية للحزم المتعددة شكلياً وقيم معامل التعددية الشكلية باستخدام تقنية ISSR	53
الجدول(11):	مصفوفة المتوسط العام لنسب عدم التوافق PDV للأصناف المدروسة باستخدام تقنية ISSR	54
الجدول(12):	عدد الحزم الكلية لكل بادئ مع الأصناف المدروسة	56
الجدول(13):	الحزم الفريدة للأصناف المدروسة وفق بادئات ISSR	58
الجدول(14):	عدد الحزم الكلي من أزواج البادئات المستخدمة، وعدد الحزم المتعددة شكلياً، والنسبة المئوية للتعددية الشكلية (%) للحزم وقيم معاملPIC	60
الجدول(15):	عدد الحزم الكلية لكل زوج بادئات مع الأصناف المدروسة	61
الجدول(16):	الحزم الفريدة للأصناف المدروسة	62

الجدول(17):	مصفوفة قيم النسبة المئوية للتوافق (PAV) الناتجة من التشابه الوراثي بين الأصناف المدروسة	64
الجدول(18):	أهم نقاط المقارنة بين التقنيتين	66
الجدول(19):	الأنماط الشكلية الكلية للقرائن مع الأصناف المدروسة	68
الجدول(20):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S8	69
الجدول (21)	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S7	70
الجدول (22)	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sd	71
الجدول(23):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Se	72
الجدول(24):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sr	73
الجدول(25):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Ss	74
الجدول(26):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sg	75
الجدول(27):	جدول التوافق بالتلقيح بين الطرز المدروسة وفقاً للقرين Sc الحزمة A	76
الجدول(28):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sc الحزمة B	76
الجدول(29):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sh الحزمة A	77
الجدول(30):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sh الحزمة B	78
الجدول(31):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين St الحزمة A	78
الجدول(32):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين St الحزمة B	79

الجدول(33):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sm الحزمة A	80
الجدول(34):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sm الحزمة B	80
الجدول(35):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين SiSn الحزمة A	81
الجدول(36):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين SiSn الحزمة B	81
الجدول(37):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sq الحزمة A	82
الجدول(38):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sq الحزمة B	83
الجدول(39):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S19 الحزمة A	84
الجدول(40):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S19 الحزمة B	84
الجدول(41):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S36 الحزمة A	85
الجدول(42):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S36 الحزمة B	86
الجدول(43):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S2 الحزمة A	87
الجدول(44):	جدول التوافق بالتلقيح بين الطرز المدروسة وفقاً للقرين S2 الحزمة B	87
الجدول(45):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S5 الحزمة A	88

الجدول(46):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S5 الحزمة B	89
الجدول(47):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S4 الحزمة A	90
الجدول(48):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S4 الحزمة B	90
الجدول(49):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S6 الحزمة A	91
الجدول(50):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S6 الحزمة B	91
الجدول(51):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sb الحزمة A	92
الجدول(52):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sb الحزمة B	92
الجدول(53):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sb الحزمة C	93
الجدول(54):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S11 الحزمة A	94
الجدول(55):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S11 الحزمة B	94
الجدول(56):	جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S11 الحزمة C	95
الجدول(57):	الأنماط الشكلية الكلية للأصناف المدروسة مع القرائن	96

الجدول(58):	تصنيفات القرائن (القرين الوحيد، النادر، المتكرر، الشائع، الصامت) حسب تواجدها ضمن الأصناف المدروسة والنسبة المئوية لتكرار كل منها	98
الجدول(59):	قراءات المطياف الضوئي عند أطوال موجات 260 و280 نانومتر وتحديد تركيز ونقاوة عينات الحمض النووي DNA المستخلصة مقدرة بالميكروغرام/ ميكروليتر	104

فهرس المفردات العلمية (الاختصارات) المستخدمة في متن الأطروحة

التسلسل	الاسم العربي	الاختصارات	English names
1	التفاعل التسلسلي البوليميرازي	PCR	Polymearase Chain Reaction
2	نانو غرام	ng	nano gram
3	زوج قاعدي	bp	Base pair
4	قرين، نظير		Allele
5	التكرارات الترادفية البسيطة الداخلية	ISSR	Inter Simple Sequence Repeats
6	التكرارات الترادفية البسيطة	SSR	Simple Sequence Repeats
7	الحمض الريبي النووي منقوص الأكسجين	DNA	Deoxyribonucleic Acid
8	الحمض الريبي النووي	RNA	Ribonucleic Acid
9	نسب عدم التوافق	PDV	Percent disagreement value
10	معامل التعددية الشكلية	PIC	Polymorphism Information Content
11	نسب التوافق	PAV	Percent Agreement value
12	عدم التوافق الذاتي	SI	Self Incompatibility
13	كيناز الموقع S الشبيه بالمتلقي	SRK	S- Locus Receptov- like Kinase
14	الموقع S الغني بالسيستين	SCR	S-Locus Cysteine- Rich
15	الموقع S لحبة الطلع	SPII	S- Locus Pollen II
16	النمط العروسي		Gametophytic
17	التنوع الحيوي		Biodiversity

Genotype		النمط الوراثي	18
Internal transcribed spacer-1	ITS-1	المواقع النووية الداخلية المنسوخة الريبوزومية	19
Restriction Fragment Length Polymorphism	RFLP	تباين أطوال المنطقةالمحددة	20
Amplified Fragment Length Polymorphic	AFLP	تضخيم أطوال القطع المتعددة شكلياً	21
Random Amplified Polymorphic DNA	RAPD	تقنية تضخيم العشوائي لـDNA	22
Adenine	A	أدينوزين	23
Cytosine	C	سيتوزين	24
Guanine	G	غوانين	25
Thymine	T	تيامين	26
Micro- Satellite		التوابع الدقيقة	27
Primer		بادئ	28
Polymorphism		التعددية الشكلية	29
Unweighted pair group method of arithmetic averages	UPGMA	متوسطات المجاميع الزوجية غير المزانة	30
Quantitative Trait Loci	QTLs	مواقع الصفات الكمية	31
Sequence Characterized Amplified Region	SCAR	المنطقة المضاعفة معروفة التسلسل	32
Sodium dodecyl Sulphate	SDS	سلفات الصوديوم	33
	EDTA	حمض أسيتات الإثيلين أيديمن	34
Round per minute	rpm	دورة في الدقيقة	35
Micro Litre	µL	ميكرو ليتر	36

Self incompatibility gene	S- gene	مورثة عدم التوافق الذاتي	37
Dendrogram		شجرة القرابة الوراثية	38
Ethydium Bromide	ETBr	إيثيديوم بروماید	39
Iso-propanol		الكحول الإيزوبروبانولي	40
Poly amine	PA	أمين متعدد	41
Tris Borate EDTA	TBE		42
Ultra Violet	UV	الأشعة فوق البنفسجية	43
Volume/Volume	V/V	حجم/ حجم	44

الملخص:

نُفذ البحث في مخبر التقانات الحيوية التابع لقسم المحاصيل الحقلية– كلية الزراعة، جامعة دمشق، بهدف تحديد درجة القرابة الوراثية بين أصناف الإجاص: (كوشيا أحمر، غراند شامبيون، بارتلت أحمر، كوشيا، بارتلت، كوميس، مسكاوي، مصطفى بك، والنوع (*Pyrus communis*، والنوع *Pyrus syriaca*)، باستعمال تقنيتي التكرارات الترادفية البسيطة الداخلية Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) ودرجة القرابة الوراثية باستخدام قرائن المورثة S، كما تم دراسة التباينات بين قرائن مورثة عدم التوافق الذاتي S على مستوى الحمض الريبي النووي منقوص الأكسجين DNA، وحددت خرائط التلقيح التوافقية فيما بينها.

أُجريت الدراسة الوراثية لتحديد درجة القرابة الوراثية بين أصناف الإجاص باستعمال تقنية ISSR باستخدام 22 بادئةً، أثبتت 18 منها فعّاليتها في إعطاء نواتج تضخيم بين الأصناف المدروسة، ونجم عن استعمالها 110 حزمةً، بمتوسط 5.67 حزمة لكل بادئة. وبلغ متوسط النسبة المئوية للتعددية الشكلية 92.72%. كان الصنفان كوشيا أحمر وبارتلت أحمر على درجة كبيرة من القرابة الوراثية، بينما كان الصنفان مسكاوي وكوميس على تباين وراثي كبير فيما بينهما.

وفي دراسة القرابة الوراثية بين الأصناف الوراثية المدروسة اعتماداً على بادئات قرائن المورثة S، استخدم 23 زوجاً من البادئات أثبت 21 منها فعّاليتها في إعطاء نواتج تضخيم، ونجم عن استعمال هذه الأزواج من البادئات 37 قريناً، حيث أعطت هذه البادئات تعددية شكلية نسبتها 100 %، بمتوسط 1.77 قرين لكل زوج بادئات. وبلغ المتوسط العام لقيم معامل التعددية الشكلية (PIC) 0.425. كان كل من الصنف مصطفى بك والنوع *P. syriaca* على تباين وراثي كبير فيما بينهما، وكان الصنفان مصطفى بك وكوشيا على درجة كبيرة

من القرابة الوراثية. ويشار هنا إلى أنه بالمقارنة بين تقنيتي ISSR ودراسة درجة القرابة الوراثية باستخدام بادئات قرائن المورثة S، وقد أثبتت الأخيرة فعّاليتها في التمييز بين الأصناف الوراثية المدروسة.

لقد أظهرت النتائج لمورثة عدم التوافق الذاتي S على مستوى الحمض النووي DNA اختلافاً واضحاً في هذه القرائن بين الأصناف المدروسة، حيث كانت التباينات الشكلية في الطول بين قرائن الموقع الواحد كبيرة أحياناً، وكانت على درجة عالية من التماثل في البعض الآخر، وأمكن تمييزها بسهولة على هلامة ميتافور أغاروز 4%. حيث أظهر تفاعل الـPCR بالنسبة للقرائن S8، S7، Sd، Se، Sr، Ss وSg وجود نمط شكلي واحد (A) فقط، فيما أعطت القرائن Sc، Sh، St، Sm، SiSn، Sq، S19، S36، S2، S5، S4 وS6 نمطين شكليين(A وB)، وظهرت ثلاثة أنماط شكلية (A وB وC) في القرينين Sb وS11 تباينت عند الأصناف الوراثية المدروسة.

أظهرت النتائج تفوق القرين S11 بعدد الأنماط الشكلية التي أعطاها والبالغة 16 نمطاً شكلياً مع كافة الأصناف المدروسة، في حين أعطى القرين Sd أقل عدد من الأنماط الشكلية (نمطاً شكلياً واحداً) مع الصنف كوشيا أحمر. كما أظهرت النتائج تفوق الصنف بارتلت بعدد الأنماط الوراثية التي أعطاها والبالغ 20 نمطاً وراثياً، كما أعطى النوع *P.* syriaca أعلى عدد من الحزم بـ 26 حزمة كلية. في حين أعطى الصنف مصطفى بك أقل عدد من الأنماط الشكلية (7أنماط شكلية).

اعتماداً على ما سبق يمكن اعتبار الصنف مصطفى بك كملقح عام للطرز المدروسة، يليه الصنف كوشيا، خاصة مع توافق موعد إزهارهما مع موعد إزهار معظم الطرز المدروسة.

الكلمات المفتاحية: *Pyrus* ، قرابة وراثية، ISSR، المورثة S، قرائن، خرائط توافقية.

الفصل الأول: المقدمة

Introduction

1-1المقدمة:Introductio

تمحو السنون أياماً وتطوي أياماً عن أرضٍ طاهرةٍ مباركةٍ حملت وما زالت تحمل بين حناياها بفضل من الله وحمده من الخيرات ما جعلها من أخصب وأكرم ما خلق الله عز وجل، فكانت مقصد العلماء لدراسة وتفصيل ما جادت به هذه الأرض وما أعطت، علاوة على مناخ يشمل بيئات متباينة من حيث الارتفاع عن سطح البحر وكميات الهطول المطري ودرجات الحرارة ونسبة الرطوبة، ما سمح بتواجد الكثير من الأنواع النباتية، تعد أرض سورية موطناً أصلياً لها، فمن نباتات طبية وعطرية كانت الدواء للإنسان على مر الزمان إلى حاصلات الثمار المختلفة التي شكلت جزءاً مهماً من غذاءه. وصولاً إلى وارف أشجارها والتي تحنو بظلالها مرحبة بالقادم وارفة عليه بخضرة أوراقها، فمن الزيتون البري *Olea* sp إلى اللوز البري *Amygdalus* sp مروراً بالزعرور البري *Carteagus* sp وصولاً إلى الإجاص السوري البري *Pyrus syriaca* Bioss وغيرها الكثير. تنمو هذه الأنواع النباتية في أنواع متعددة من الترب متحملة الإجهادات البيئية كافة من جفاف وكلس وصقيع...إلخ، مما يكسبها مخزوناً وراثياً كبيراً من الصفات المتميزة والمرغوبة كتحمل الجفاف والكلس، إضافة لمقاومتها للعديد من الأمراض والحشرات.

يتبع الإجاص رتبة الورديات Rosales والعائلة الوردية Rosaceae وتحت الفصيلة التفاحية Pomoideae والجنس *Pyrus* (Potter وزملاؤه، 2007)، الذي يحتوي ما يفوق ستين نوعاً برياً تنمو في مناطق متعددة من العالم (Tuz وزملاؤه، 1972). لعل من أهمها:

- الإجاص الشائع *Pyrus communis*
- إجاص الرمل *Pyrus pyrifolia* أو Nashi والمتميزان بأهميتهما الاقتصادية عالمياً.
- الإجاص كاليرينا *Pyrus calleryana*
- الإجاص بيتولافوليا *Pyrus betulaefolia*
- الإجاص الياباني *Pyrus serotine*
- الإجاص الآشوري *Pyrus ussuriensis*
- الإجاص السوري *Pyrus syriaca*.

(Bell وZwet، 1998 ؛Sedov وزملاؤه، 2008؛ Bell و Itai.، 2011).

يعد الجنس *Pyrus* ثنائي الصيغة الصبغية (2n= 2X= 34)، مع وجود حالات من الصيغة الصبغية المتعددة (ثلاثي أو رباعي) في بعض الأصناف (Silva وزملاؤه، 2014). ويتوقع أنه نشأ قبل 55- 65

مليون سنة في المناطق الجبلية في غرب وجنوب غرب الصين (Ruptsov، 1944). و كل الأنواع من *Pyrus* قابلة للتهجين فيما بينها ولا توجد عوائق رئيسة في عدم التوافق بين الأنواع الرئيسة المزروعة والتي تعد مجال التركيز على التهجين ضمن الأنواع وبين الأنواع لتطوير الأصناف الناتجة. (Bell وزملاؤه.، 1996).

تتواجد أهم الأنواع البرية للإجاص في القسم الشرقي من آسيا وبالتحديد في بلاد الصين، ويعتقد بعضهم أن الموطن الأصلي لهذه الشجرة هو شمال إيران والقوقاز والمنحدرات الشمالية الغربية من جبال الهيملايا. كما ينمو الإجاص السوري البري *P. syriaca* في غابات سورية ولبنان وفلسطين (Mouterde، 1970؛ Post، 1932) .

وقد تم تسجيل العديد من الطرز التي تتبع لهذا النوع إضافة لمجموعة من الأصناف المحلية في مناطق بيئية مختلفة في سورية بدءاً من المناطق الرطبة جداً إلى نصف الجافة ومن ارتفاع 200 م إلى 1800م عن سطح البحر، والتي تنتشر في المناطق المحجرة والأرضي الكلسية (مزهر، 1998؛ فلوح وزملاؤه، 2008).

تنقسم مناطق نشأة شجرة الإجاص المزروع إلى الصين، حيث انتشر فيها الإجاص الآشوري *Pyrus ussuriensis*، والإجاص الياباني *Pyrus pyrifolia*، وجبال القوقاز وآسيا الصغرى حيث ينتشر فيها الإجاص البري الشائع *Pyrus communis* وهجنه (Bell وزملاؤه، 1996)، يزرع الإجاص منذ أكثر من 2000 سنة (Yamamoto وزملاؤه، 2004). ويعتقد أن الإجاص المزروع قد استؤنس من عصور ما قبل التاريخ من غابات الإجاص الياباني *Pyrus pyrifolia* وزرع في الصين منذ حوالي 3000 عاماً على الأقل (Lombard و Westwood، 1987)، وانتشر كما انتشر التفاح إلى شرق أوروبا منذ عصور ما قبل التاريخ وخاصة في اليونان حيث دلت مؤلفات الكاتب أويسي Oisi التي تعود إلى القرن الثامن والتاسع قبل الميلاد على وجود بساتين كبيرة من الإجاص والتفاح فيها (Jackson, 2003). ولعبت بلجيكا دوراً مميزاً في استنباط الأصناف الجديدة، حيث استنبط العالم فان مونس Van Mones أكثر من 400 صنفاً جديداً من الإجاص في القرن التاسع عشر، ونقل البريطانيون في القرن السادس عشر الإجاص إلى أمريكا الشمالية، وانتقل إلى أمريكا الجنوبية في بداية القرن التاسع عشر عن طريق الإسبان والبرتغال (حامد والعيسى، 1999).

يأتي الإجاص من حيث المساحة والإنتاج بعد التفاح، وتحتل الصين المرتبة الأولى عالمياً في إنتاجية الإجاص تليها الأرجنتين ثم الهند وإيطاليا وتركيا وإسبانيا والولايات المتحدة الأميركية وجنوب إفريقيا (FAO, 2016). ويعود السبب إلى عدم مواكبة الإجاص للتفاح إلى العديد من العوامل أهمها قلة عدد الأصناف القابلة للتخزين لمدة طويلة، إضافة إلى أن ثمار الإجاص لا تتحمل الشحن والتسويق إلى مناطق نائية كما هو الحال في الثمار الأخرى مثل التفاح، كما أن أصناف الإجاص حساسة لانخفاض درجات الحرارة في الشتاء فهي عرضة للتأثر بموجات الصقيع الربيعي المتأخر، مما يجعل مناطق انتشارها محدودة إذا ما قورنت بمناطق انتشار التفاح مثلاً أو بقية الأشجار المثمرة مثل اللوزيات والكرمة (محفوض، 1982).

أما محلياً فقد تطورت زراعة الإجاص تطوراً جيداً رغم التراجع الذي يصيب زراعته مساحة وإنتاجاً بسبب إصابة هذه الشجرة بالآفات (مثل بسيلا الإجاص Psylla، ثاقبة البراعم Autonomus، اللفحة النارية Fire Blight، جرب الإجاص،...إلخ) ويوضح الجدول التالي مساحة وإنتاجية الإجاص من الأعوام 2001 إلى 2016 في سورية.

جدول (1) : تطور مساحة و إنتاجية الإجاص خلال أعوام 2001-2016 في سورية.

السنة	الإنتاج / طن	المساحة / هـ
Year	Production / T	Area /H
2001	27591	5825
2002	20142	4974
2003	20383	4228
2004	20511	4086
2005	19767	3998
2006	22150	4072
2007	24671	4081
2008	24577	4115
2009	25521	4053
2010	22034	4139
2011	19715	4089
2012	22713	4076
2013	21387	4033
2014	20795	4022
2015	22288	4057
2016	25793	4019

(إحصائيات وزارة الزراعة والإصلاح الزراعي للعام 2016).

ويلاحظ من الجدول (1) تذبذب المساحة المزروعة والإنتاج خلال الأعوام من 2001- 2016، ويعزى ذلك للأسباب التالية:

- انتشار وزيادة إصابة الأشجار بالأمراض والحشرات في المناطق المزروعة.
- تدني إنتاجية أشجار الإجاص بالمقارنة مع أنواع أخرى من الأشجار المثمرة.
- زيادة نسبة الكلس الفعال في بعض المناطق، وعدم توافر الأصول المتحملة للكلس في بساتين الإجاص مما يسبب انحسار انتشار زراعة الإجاص في هذه المناطق.
- عوامل بيئية ناتجة عن انخفاض معدل الأمطار وتعرض مناطق الزراعة للجفاف المتكرر.

تدل معطيات الجدول (2) أن محافظة ريف دمشق تحتل المرتبة الأولى من حيث المساحة المزروعة (2309هـ) تليها محافظة السويداء ثم محافظة اللاذقية، أما من حيث الإنتاجية فتحتل محافظة دمشق مدينة وريفاً المرتبة الأولى بإنتاجية بلغت (16890 طن) تليها محافظة اللاذقية ثم السويداء وطرطوس (إحصائيات وزارة الزراعة والإصلاح الزراعي للعام 2016).

جدول (2) : مساحة و إنتاجية الإجاص في المحافظات السورية خلال العام 2016.

المساحة / هـ	الإنتاج / طن	المحافظة
Area /H	Production / T	Govern
2309	16890	ريف دمشق
366	3024	اللاذقية
492	2675	السويداء
280	999	طرطوس
278	973	حماة
134	434	الرقة
42	191	حلب
9	135	إدلب
13	129	دير الزور
57	126	درعا
11	55	حمص
17	37	القنيطرة
11	27	الحسكة
---	8	الغاب

(إحصائيات وزارة الزراعة والإصلاح الزراعي للعام 2016).

تعد ثمار الإجاص من الفاكهة المرغوبة نظراً لتميزها بصفات مذاقية عالية حيث تستهلك طازجة، أو لصنع العصير ومنقوع الفواكه والمربى، في تصنيع الثمار المجففة. وأحيانا تؤكل الثمار كفاكهة سكرية مغذية قلوية.

تشير الدراسات إلى أن ثمار الإجاص تحتوي على المكونات التالية: سكريات (5-15%)، ماء (83%)، (0.6-0.7%) أحماض، (0.3-0.7%) مواد بروتينية، و 1.4% ألياف. كما تحتوي ثمار الإجاص على بعض الكميات من فيتامين B1 وC، وآثار من فيتامين A، إضافة إلى أملاح الكالسيوم والحديد والفوسفور والبوتاسيوم. (حامد،1990).

2-1 مبررات البحث وأهدافه: Search Justifications and Objects

1-2-1 مبررات البحث:

لابد من زراعة الأصناف المتوافقة فيما بينها عند إنشاء بساتين الإجاص للحصول على الإنتاج الجيد كماً ونوعاً؛ وهذا بدوره يقودنا إلى تحديد الأنماط الوراثية S للأصناف المختلفة بهدف معرفة الملقحات الأنسب لها. إن دراسات تحديد الملقحات الأنسب كانت تتم بصورة حقلية، والتي غالباً ما تكون نتائجها غامضة كونها تتأثر بالظروف البيئية والمؤثرات الفيزيولوجية (Ishimizu وزملاؤه.، 1999). مما يجعل من الصعوبة بمكان تحديد التوافق (Broothaerts وزملاؤه.، 1996). ومن هنا تأتي أهمية الدراسات الجزيئية والوراثية لتحديد الأنماط الوراثية S لأصناف الإجاص المختلفة حيث أن الطرق التقليدية لدراسة هذه الظاهرة لم تف بالغرض المطلوب بشكل دقيق.

تأتي أهمية هذه الدراسة كونها تعمل على تحديد درجة القرابة الوراثية لأهم الأصناف الاقتصادية والمحلية في سورية والتي تعد مصدراً وراثياً مهماً في عمليات التحسين الوراثي، يضاف إلى ذلك دراسة درجة القرابة بين هذه الأصناف والنوعين *P. communis*، و *P. syriaca*. ليتم بعدها تحديد الأنماط الوراثية S لهذه الأصناف، وتوزيعها في مجموعات توافقية فيما بينها.

وعلى الرغم من أهميتها العالية في التمييز بين أصناف الإجاص، لاتزال الدراسات الوراثية على الإجاص في سورية محدودة والخطوات في هذا المجال لا زالت في بدايتها. وحيث أن مثل هذه الدراسات على أهميتها ودقة نتائجها لم تجر في القطر العربي السوري على أصناف الإجاص المحلية والتي تعد مصدراً وراثياً مهماً في عمليات التربية والتحسين الوراثي، ولم تجر أيضاً على الأصناف المدخلة الاقتصادية، لذلك فقد توجه هذا البحث نحو إطلاق استخدام هذه التقنية في الإجاص بهدف تحديد درجة القرابة الوراثية بين بعض أصناف الإجاص المدخلة إضافة إلى النوعين البريين *P. communis*، *P. syriaca*.

2-2-1 أهداف البحث:

1- دراسة درجة القرابة الوراثية بين الأصناف المدروسة والنوعين *P.communis*، *P.syriaca*.
2- تحديد الأنماط الوراثية لمورثة عدم التوافق الذاتي (S) للأصناف المدروسة وتوزيعها في مجموعات متوافقة مع بعضها.
3- الربط بين درجة القرابة الوراثية والتوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة.

الفصل الثاني: الدراسة المرجعية

Referential Studies

2-1-عدم التوافق الذاتي

يعرف عدم التوافق الذاتي بأنه عدم قدرة الأعراس المذكرة على تلقيح وإخصاب الأعراس المؤنثة في أزهار النبات نفسه وبالتالي عدم تكوين البذور، وتنشأ هذه الحالة بفعل عامل أو عوامل وراثية، حيث تؤدي لتثبيط لإنبات حبة الطلع أو نمو الأنبوب الطلعي في النبات غير المتوافق، وتظهر تقريباً حوالي نصف محاصيل العالم الرئيسة والأنواع التزينية حالة من عدم التوافق الذاتي. وجدت حالة عدم التوافق الذاتي في حوالي 66 عائلة نباتية على الأقل من النباتات الرئيسة (East، 1940؛ Fryxell، 1957).

هناك نوعان من عدم التوافق الذاتي في حقيقيات النوى، ومن الناحية الوراثية أحدهما هو النمط الجاميطي (العروسي) بنسبة 70% من الأنواع غير المتوافقة ذاتياً، والآخر هو النمط البوغي. وتعتمد كلتا الحالتان على الفعل والفعل الداخلي للقرائن المتعددة لموقع S واحد (وفي حالات نادرة موقعان) في نمط سلوك نموذج حبة الطلع الجاميطي (وظيفي أو فشل الإلقاح). يحصل توريث عدم التوافق الذاتي بشكل منتظم في بعض المراحل خلال نمو الأنبوب الطلعي في أنسجة المدقة في الأنواع الجاميطية (العروسية).

في النموذج البوغي فإن سلوك حبة الطلع سلوك بوغي (مرتبط بالنموذج الأمي)، يحصل الكبت على سطح المدقة مما يؤدي إلى تثبيط إنتاش حبة الطلع وبتر الأنبوب الطلعي، وتشكل 30% من حالات عدم التوافق الذاتي.

هناك نمطان من عدم التوافق الذاتي يعتمد كلاهما على مورثة واحدة متعددة القرائن، وتم وصفه في النباتات ذاتية التلقيح النمط الجاميطي كما وصفه (Prell، 1921)، وينتج عدم التوافق الذاتي عندما يظهر القرين S في حبة الطلع ونفسه يظهر في الميسم، ويتحدد عدم التوافق الذاتي على ذلك بالقرين المختص في حبة الطلع، ويحصل التثبيط في الأنواع ذات النمط الجاميطي عادة في بعض المراحل خلال نمو الأنبوب الطلعي في أنسجة القلم كما أنه من الممكن أن يحصل تثبيط جزئي في نمو الأنبوب الطلعي، ولعل من أهم

الأمثلة على ذلك في العائلة الوردية في الإجاص، حيث أن عدم التوافق الذاتي في الإجاص *P. communis* من النمط الجاميطي، وحبة الطلع ثنائية النوى، ومكان التثبيط في القلم (Brew Baker، 1957).

أنظمة عدم التوافق الذاتي (SI) هي آليات وراثية واسعة الانتشار لمنع الإخصاب الذاتي، ويعتقد أنها تلعب دوراً مهماً في انتشار وتوزع حقيقيات النوى (Whitehouse، 1950؛ de Nettancourt، 1977). هناك ثلاثة أنماط رئيسة من أنظمة SI نموذج العائلة الملفوفية Brassicaceae، ونموذج العائلة الخشخاشية Papaveraceae، ونموذج العائلة الباذنجانية Solanaceae. حيث يتم التحكم بهذه الظاهرة من خلال موقع واحد يرمز له بالموقع S في هذه النماذج (Kao و Tsukamoto.،2004؛ Wheeler وزملاؤه.، 2003).

في نموذج العائلة الخشخاشية Papaveraceae فإن البروتين المتخصص في القلم مرمز بالموقع S يتوسط لتثبيط نمو الأنبوب الطلعي من خلال إرسال لإشارات Ca^{+2} مثالية تؤدي لموت مبرمج للخلية (Franklin-Tong وزملاؤه.، 2002؛ Thomas و Franklin- Tong.، 2004). أما في نموذج العائلة الصليبية Brassicaceae فإن بروتيني الموقع S اللذان يعرفا بـ SRK (كيناز الموقع S الشبيه بالمتلقي، أو S-Locus Receptov- like Kinase) والذي يترجم في الميسم إضافة إلى بروتين SCR (الموقع S الغني بالسيستين S-Locus Cysteine- Rich)، والبروتين SPII (الموقع S لحبة الطلع II، S-Locus Pollen II) والذي يترجم في حبة الطلع (Chookajorn وزملاؤه.، 2004؛ Kachroo وزملاؤه.، 2001؛ Takayama وزملاؤه.، 2001).

أما في نموذج العائلة الباذنجانية Solanaceae فإن حالة العقم الذاتي هي حالة العقم الذاتي الجاميطي (GSI)، وهذا النموذج يوجد في ثلاث عوائل نباتية Solanaceae، Rosaceae، Scorphulanaceae، وفي هذه الحالة فإن منتج S- locus في القلم هو غليكوبروتين مع فعالية ريبونكلياز يطلق عليه اسم S-RNase، حيث أن منتج S-locus هو واحد من مجموعة بروتينات F-

box يطلق عليه اسم SLF (S-Locus F- box) أو SFB (S- haplotype- specific F- box) (Kao و Tsukamoto.، 2004).

في الفصيلة Rosaceae وجدت قرائن S لتُرمز غليكوبروتينات S التي تعمل على تثبيط نمو الأنبوب الطلعي الحامل لنفس قرين S (Clarke وزملاؤه.، 1990؛ Kaufmann وزملاؤه.، 1991؛ Sassa وزملاؤه.، 1992).

يعد عدم التوافق في الإجاص من النمط العروسي Gametophytic الذي يتحكم فيه مورثة واحدة S عديدة القرائن (De Nettancourt، 1977)، عندما تكون حبة الطلع حاملة للقرين المطابق لإحدى القرينتين الموجودتين في المدقة مما يمنع حصول الإخصاب. (Clarke وNewbigin.، 1993؛ Hinata وزملاؤه.، 1993). حيث يمنع التقاء حبة الطلع والمدقة من صنف الإجاص نفسه نمو حبة الطلع ثنائية النوى ضمن أنسجة القلم في وقت متأخر عند أو بعد الانقسام الميوزي (Lewis وModlibowska.، 1946). ويقتصرالتلقيح والإخصاب في الإجاص الأوروبي على التلقيح الخلطي للأصناف بين بعضها بشكل مناسب للآباء في برامج التهجين. يحصل التلقيح نصف المتوافق عندما يتوافق قرين واحد في أب حبة الطلع مع المدقة في الأب الأنثوي (Sanzol وRobbins .، 2008).

2-2المؤشرات الجزيئية وظاهرة عدم التوافق الذاتي

قام (Tomimoto وزملاؤه.، 1996) بتحديد الأنماط الوراثية باختبارات التعددية الشكلية للبروتين. تمت معاينة البروتينات من أقلام الإجاص الأوروبي والإجاص الصيني باستخدام هلامتي بولي أكريلامايد ثنائية الأبعاد للرحلان الكهربائي. تم الكشف عن العديد من الاختلافات لكلا الصنفين في مجموعة من البروتينات للأقلام. كما قام (Hiratsuka وزملاؤه.، 1999) بالكشف عن البروتين المرتبط بالقرين S4 (S4-PROTEIN) بالرحلان الكهربائي على هلامة بولي أكريلامايد، وكشف تسلسل الأحماض الأمينية طرفية

في الصنف Nijisseiki (الصنف غير متوافق ذاتياً من النمط S2S4) والصنف المتوافق ذاتياً Osa-Nijisseiki S2S4SM, SM طفرة جزئية بالقلم) وهما نموذجان من الإجاص الياباني *Pyrus pyrifolia* Rehd var. culta. تفترض هذه النتائج أن التوافق الذاتي في الصنف Osa- Nijisseiki يعود للمستوى المنخفض من تعبير بروتين S4، والآلية مشابهة تماماً للمستوى المنخفض من بروتين S وعدم التوافق الذاتي الضعيف وعدم التوافق في Nijisseiki.

بهدف تطوير طريقة موثوقة لاختبار عدم توافق حبة الطلع مع المدقة في الإجاص درس (Sanzol وHerrero.، 2002) تطورالأنبوب الطلعي على طول المدقة لتتبع التلقيح الذاتي والهجين. وأظهرت النتائج أن نمو الأنبوب الطلعي في القلم هو اختبارغير واضح، ومراقبة المبيض بالمجهر لوجود الأنبوب الطلعي في النوسيل هي طريقة جيدة لاختبار عدم التوافق في هذا المحصول. وبالتالي كان من الممكن تحديد قرائن-S (الصنف ويليامز S1S2) وكوشيا (S3S4).

قام (Takasaki وزملاؤه.، 2002) بدراسة تعبير S8-RNase الذي أثبت وجوده في المدقات لإثنين من أصناف الإجاص اليابانية، 'Ichiharawase' (S1S8) و'Heiwa' (S4S8). إن التسلسل الكامل لمورثة S8-RNase قد حدد بالاعتماد على التسلسل النكليوتيدي لـcDNA الجزئي وقطعة َ5 المورثية الطرفية المضخمة بـRT-PCR وPCR. كما درس (Zuccherelli وزملاؤه.، 2002) تركيبة القرائن –S في عشرة أصناف إجاص أوروبي من خلال تحاليل S-PCR الجزيئية، وتم معرفة التسلسل النكليوتيدي لستة قطع قرائن –S للإجاص الأوروبي في حين تطابقت البيانات الحقلية مع النتائج الجزيئية.

عمل(Halász و Hegedûs، 2006) على دراسة نظام عدم التوافق الذاتي ومجموعة القرائن لثلاثة أنواع من الإجاص الأوروبي والياباني والصيني. حيث تم تحديد سبع قرائن S ومجموعة واحدة من حالات عدم التوافق الذاتي. أما Takasaki وزملاؤه (2006) فقام بنسخ تسع cDNA للقلم من أصناف

الإجاص الأوروبي باستخدام لـ S ريبونكلياز (S-RNase). وبمقارنة التسلسلات النكليوتيدية بين 9 S-RNasesو13 قرين S فتم الكشف عن قرائن كانت سبعة منها متطابقة مع القرائن Sa, Sb, Sd, Se, Sh, Sk و Sl، وإثنان آخران كانا قرينين جديدين. كذلك قام (Di Sandro وزملاؤه.، 2007) ببحث عدم التوافق الذاتي في الصنف Abbé Fétel (*P. communis*) حيث سمح التوصيف الحديث لقرائن S لأصناف الإجاص الأوروبي بتحديد مجموعات الإجاص غير المتوافقة. كما استطاع Moriya وزملاؤه (2007) الحصول على خمسة قرائن (Sc، Si، Sm، Sn، Sp) كانت متطابقة مع المفترضة، في حين كانت القرائن (Ss، Sg، St) جديدة.

أما Mota وزملاؤه (2007) فقاموا بدراسة نسخ وتحديد قرائن S-RNase المسؤولة عن عدم التوافق الذاتي العروسي (GSI) لصنف الإجاص "Rocha" و13 صنفاً آخر من الإجاص الأوروبي والتي من الممكن أن تستخدم كملقحات، باستخدام تقانة الـ PCR مع بادئات متخصصة. كذلك قام (Sanzol، 2008) بتوصيف سلاسل الـDNA لخمسة قرائن من S–RNase والمسماة (S20, S21, S22, S23, S24) في الإجاص الأوروبي. وإعادة دراسة تسلسل DNA في الصنف "General le derc"، إذ أظهرت هذه المورثة أنها ترمز البروتين نفسه S12.

كما قام (Sanzol وRobbins، 2008) بتمييز 14 S قريناً (S1–S14) على مستوى الطراز الشكلي وتعيين 33 صنفاً ضمن 13 مجموعة غير متوافقة. إذ قاما باستخلاص ثمانية قرائن S– جديدة ومحددة (S6–S14). أيضاً استطاع (Sanzol، 2009) تصنيف صنفين من الإجاص الأوروبي 'Abugo' و'Ceremen˜o' كونهما متوافقين ذاتياً بعد دراسة الثمار والبذور، ومراقبة نمو الأنبوب الطلعي وتحديد النمط

الوراثي S باستخدام تقنية الـ PCR وتحديد التسلسل النيكليوتيدي لقرين S–RNase في الصنفين، وهذا هو التسجيل الأول لطفرة القرين S والتي أعطت التوافق الذاتي للإجاص الأوروبي. كما عمل (Sanzol وزملاؤه.، 2009) على توحيد ترميز تسمية قرائن الموقع S حيث تم في السنوات الخمس الأخيرة نسخ 18 قريناً S– RNase من الإجاص الأوروبي.

إن شرح قرائن S–RNase المنسوخة من الإجاص الأوروبي كانت غير ثابتة وسميت بالأحرف والأرقام. ويبدأ الترقيم الجديد من 101، في حين يرمز الرقم الأول بشكل مطلق للقرائن المنتمية إلى المجموعة الوراثية للإجاص الأوروبي. بناءاً على ذلك فقد تمت تسمية الأشكال الوراثية –S الجديدة لـ133 صنفاً من الإجاص الأوروبي. أما Del Duca وزملاؤه (2010) فقد درسوا محتوى وفعالية البولي أمين (PA) في إلقاح حبوب طلع الإجاص الأوروبي، ودراسة التوافق الذاتي وعدم التوافق الذاتي (SI) بهدف تعميق مسؤوليتها المحتملة في الطور قبل الجاميطي في إكثار النباتات.

كما وعمل (De Franceschi وزملاؤه.، 2011) على تحديد قرين واحد S في التفاح والإجاص الياباني، وتم تحديد الموقع S متعدد القرائن F–box، كما تم نسخ موقع S من إثنين من أهم أصناف الإجاص الأوروبي زراعياً " Abbé Fétel "(S104/2/S105) و(S101/S102) Max Red Bartlett. بالإضافة إلى ذلك فقد درس (Gharehaghaji وزملاؤه.، 2015) 23 قريناً للمورثة S– RNase (S101– S125) على 64 طرازاً وراثياً من الإجاص وبالاعتماد على تقانة الـ PCR، كما وجد قرين جديد أعطي الرمز S 127.

2-3أهمية التنوع الحيوي:

يعد التنوع الحيوي Biodiversity من أهم مقومات المكافحة ضد الجوع والفقر (Larid، 2007)، حيث التنوع الحيوي المهمل في الحالات العادية يصبح في غاية الأهمية أوقات الحرب أو المجاعة (Jarvis و Hodgkin، 1999)، حيث أكد (Jarvis وزملاؤه.، 2000) على ضرورة جمع وتقييم مختلف الأصول الوراثية الممثلة للتنوع الحيوي وحفظها للمستقبل، لتفادي أي طارئٍ غير متوقع، لقدرتها على تحمل التغيرات البيئية في المستقبل. يشمل التنوع الحيوي التباين الموجود ضمن جميع الأنواع النباتية والحيوانية، وفيما بينها، والنظم البيئية التي تشغلها (Kalbermatten، 2007)، ويؤدي دوراً مهماً في دعم الأنظمة البيئية في الأراضي الجافة، إذ يُعدُّ الغطاء النباتي من أدوات تشكيل وحفظ التربة وتنظيم الهطول المطري والمناخ المحلي (Raymond، 2001). كما أن التنوع الحيوي الوراثي الموجود ضمن الأنواع النباتية التي توفر الغذاء والمأوى والدواء لشعوب العالم جزءاً مهماً لبرامج التربية، والمادة الأولية التي تجعل مربي النبات قادراً على استنباط أصناف مرتفعة الغلة، ومتأقلمة مع التغيرات المناخية المستقبلية.

وقد أكّد (Winfried، 2008) أنّ تطوير الزراعة سيسهم في خفض نسبة الجوع خاصة بعد مشكلة ارتفاع أسعار المحاصيل الغذائية منذ منتصف عام2007، ولتحقيق ذلك يحتاج مربّو النبات والمزارعون والمجتمع عموماً إلى الحصول على القيمة الكامنة في المصادر الوراثية النباتية لتلبية احتياجات الإنسانية في المستقبل، التي تحمل أهمية كبيرة، لأنّها شكّلت أساس الزراعة المستدامة وستزداد أهميتها في المستقبل في ضوء التغيرات المناخية المحتملة. كما أكد (Dolezalova وزملاؤه.، 2003) على أهمية مضاعفة الجهود عالمياً ودولياً لتقييم وتوصيف الموارد الوراثية لتحديد الخصائص المرغوبة منها والاستفادة منها في تحسين الأصناف التي

تمتلك قاعدة وراثية ضيقة نسبياً. بيّن(Engels و Engelmann، 2002) أنّ الهدف الأساسي من تقييم الموارد الوراثية هو تأمينها لمربي النبات والمزارعين وللأغراض البحثية الأخرى.

تعرّف المصادر الوراثية النباتية على أنها التباين الوراثي الممكن الاستفادة منه زراعياً (شاهرلي والأوبري، 2004)، والتي تتميز بقدرتها على تحمل الإجهادات الأحيائية واللاأحيائية، كما تُعدّ ذخيرةً للوقاية من التغيرات البيئية المحتملة (Lane، 2007)، ويُعدّ زيادة استعمالها من الأهداف الرئيسة عالمياً لدعم استعمال التنوع الحيوي في الزراعة، حيث ذكر (Graner،2008) أنه سيكون من الأهمية مستقبلاً الحفاظ على الموارد الوراثية، وأيضاً توصيفها لاكتشاف خصائصها الجديدة، والتي تساهم في تحسين وتطوير واستدامة الإنتاج الزراعي. لذلك كان الإتجاه نحو الأنواع والطرز البرية لما تمتلك من مخزون وراثي كبير يمكن استخدامه في عمليات التحسين الوراثي وتربية النبات، ومنها الإجاص السوري البري والذي لاتزال الدراسات حوله في حدها الأدنى على الرغم من أهميته العالية كونه متأقلماً مع الظروف البيئية في سورية وإمكانية زراعته في الأراضي المحجرة، إضافة إلى مخزونه الوراثي الكبير والذي يعد أرضاً خصبةً لعمليات التربية والتحسين الوراثي للحصول على أصناف جديدة بمواصفات إقتصادية عالية ومتأقلمة مع الظروف البيئية والأحيائية للقطر العربي السوري (Mouterde.، 1952؛ Mouterde.، 1970).

2-4 استخدام التقانات الحيوية

يعد الاعتماد على الصفات الشكلية لدراسة التنوع النباتي غير كاف، خاصةً عند وجود تقارب كبير بين النباتات المدروسة، كما أن هذه الصفات الشكلية شديدة التأثر بالظروف البيئية المحيطة بالنباتات المدروسة (Degani وزملاؤه.، 1998). حيث تعد التباينات الشكلية بين أشجار الإجاص من المعايير الأولى التي

استخدمت في عملية التوصيف والتصنيف ودراسة التباينات بين وضمن الأنواع المختلفة، (Weber و May.، 1989)، كما استخدمت التعددية الشكلية للبروتينات (Chevreau وزملاؤه.، 1997).

2-5 الواسمات (المؤشرات) الجزيئية:

في الآونة الأخيرة وفي ظل التطور المتسارع في علم التقانات الحيوية اكتشفت معايير ومؤشرات أكثر دقة يمكنها تحقيق هذا الهدف وتطويره، أهمها دراسة التنوع الوراثي باستخدام المعلمات الجزيئية التي تستند على معلومات مأخوذة من جزيئة الحمض الريبي النووي منقوص الأكسجين DNA، والتي تسمح بالتمييز ما بين فردين محددين. لقد تطورت المؤشرات الجزيئية بشكل كبير وتعددت أنواعها والمبدأ الذي تعتمد عليه وكذلك استخداماتها وتطبيقاتها. تتضمن هذه المؤشرات تقنية التعددية الشكلية لقطع الـ DNA المضخمة عشوائياً RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (Westwood.، 1982)، التعددية الشكلية لأطوال القطع المضخمة AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphic) (Vos وزملاؤه.، 1995)، التكرارات الترادفية البسيطة SSR (Simple Sequence Repeats) (Yamamoto وزملاؤه.، a2002؛ Brini وزملاؤه.، 2008؛ Zhong وزملاؤه.، 2009؛ Yakavin وزملاؤه.، 2011)، التكرارات الترادفية البسيطة البينية ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) (Monte- Corvo وزملاؤه.، 2001).

يتم عادة تحديد التنوع الوراثي لأصناف وأنواع الإجاص؛ باستخدام الصفات الوراثية (Westwood وزملاؤه، 1982). وأيضاً باستخدام التعددية الشكلية للبروتينات المخزنة، وكلتا الطريقتين محدودتين بعدد من الصفات الشكلية المتاحة للتحليل. كما أن الصفات الشكلية قابلة للتعديل نتيجة الظروف البيئية. لذلك فإن حل هذه المعوقات هو استخدام المعلمات الجزيئية؛ اعتماداً على التعددية الشكلية لسلسلة معلمات الأحماض النووية

لـDNA.(Chevreau وزملاؤه، 1997). وقد أصبحت هذه التقنيات أصبحت أكثر أهمية في الوقت الحاضر، للأسباب التالية:

1- توفر المؤشرات الجزيئية نتائج موثقة خلال مراحل مبكرة، ما يُساعد في الإسراع بعمليات الانتخاب والتربية.

2- عدم وجود أي علاقة بين المراحل التطورية للنبات والمعلمات الجزيئية، وبالتالي يمكن استخلاص المادة الوراثية من المراحل الأولى للنبات.

3- سهولة تحديد موقع وراثي مطلوب لطراز وراثي معين Genotype مباشرةً، مما يسرع من برامج التربية.

4- عدم تأثر المؤشرات الجزيئية بالشكل الظاهري للنباتات والمؤشرات البيئية كما في برامج التربية التقليدية.

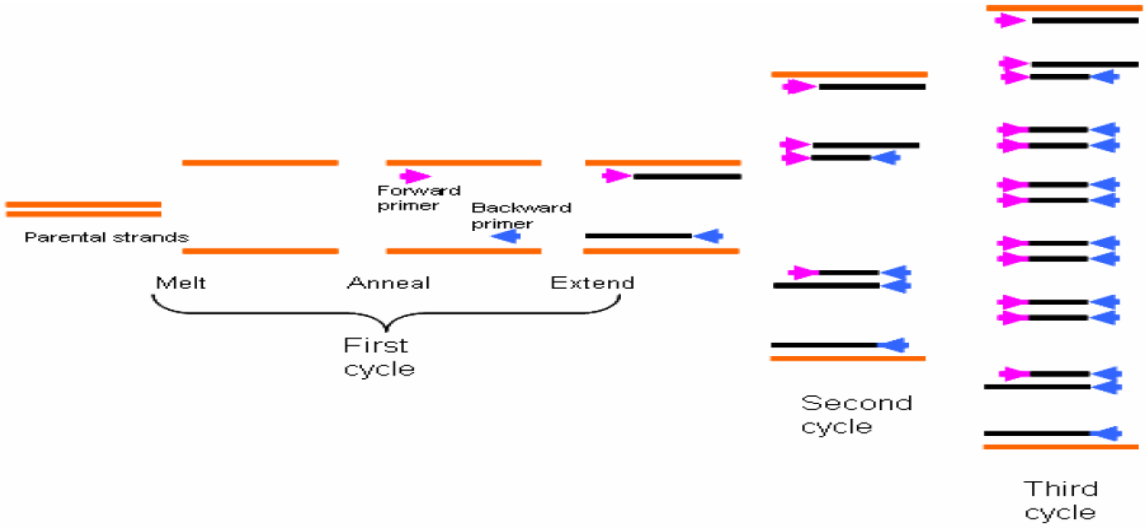
5- الحصول على عدد كبير من المؤشرات بزمن قصير نسبياً.

وقد ذكر(Powell وزملاؤه.، 1996b) أنّ استعمال التقانات الحيوية على المستوى الجزيئي للمادة الوراثية DNA أدّى إلى تسريع وتحسين برامج تربية الأنواع النباتية. إذْ تُعدّ المعلمات الجزيئية ذات أهمية قصوى على صعيد مجال تربية النبات، إضافة إلى أنها تعد مؤشرات مساعدة في إسراع عمليات الانتخاب، وهي بذلك تختصر الزمن الذي تستغرقه عمليات التربية إضافةً إلى خفضها للتكاليف المادية. كما أوضح (Graner وزملاؤه، 1991) أن استعمال تقانات المؤشرات الجزيئية، يمكن أن يقلل من تعقيدات إدخال عدد من الصفات المرغوبة في النمط الوراثي الواحد. كذلك يمكن استعمالها بشكل فعال في تحاليل التنوع الوراثي وتقدير التشابه الوراثي (Eleuch وزملاؤه، 2008؛ Powell وزملاؤه، 1996a).

2-6 تفاعل PCR

لقد طُور التفاعل التسلسلي البوليميرازي (Polymerase Chain Reaction- PCR) من قبل الباحث

Saiki) وزملاؤه.، 1985)، حيث أُعتبر هذا الإنجاز تطوراً مهماً، ساعد في سرعة وكفاءة غربلة العديد من الأجيال الانعزالية لعدد من الأنواع النباتية (Mullis وزملاؤه، 1986؛ Siaki وزملاؤه.، 1985). ويقوم هذا التفاعل بمضاعفة قطع محددة من (DNA)، وذلك بوجود بادئات عشوائية مثل تقنية RAPD، أو متخصصة مثل تقنية SSR مصممة لهذا الهدف، ما يسمح بالحصول على ملايين النسخ المضاعفة من قطعة واحدة من (DNA) التي تتضاعف أسياً، وذلك باستعمال دورات حرارية متعددة (سيد، 2001؛ Karp وزملاؤه، 1997). يتمتع هذا التفاعل بالقوة والفاعلية الفائقة، إضافة إلى حساسيته الشديدة، وهو ذو تطبيقات في مجالات متعددة.



الشكل (1): مراحل تفاعل الـ PCR وتضاعف الـDNA بشكل أسي

وقد ساعد تصنيع أجهزة التدوير الحراري الآلية (Automated thermo cycler) واكتشاف أنزيم البوليميراز DNA Polymerase في تطوير هذا التفاعل، وفي ظهور تقانات أخرى تعتمد عليه في إجراء التحاليل الوراثية وإنشاء خرائط الارتباط الوراثية (Rafalski وزملاؤه، 1993؛ Saiki وزملاؤه، 1988). ومن أهم هذه التقانات:

تقنيات لا تعتمد على مبدأ تفاعل PCR: وأهمها تقنية (RFLP)، حيث تم اقتراح هذه التقانة لدراسة الاختلافات ضمن جزيئة DNA نفسها من قبل Botstein وزملاؤه (1980).

تقنيات تعتمد على مبدأ تفاعل PCR وأهمها:

تقنية التعددية الشكلية لقطع الـ DNA المضخمة عشوائياً (RAPD) (Williams وزملاؤه، 1993).

تقنيةAFLP (Barrett و Kidwell، 1998).

تقنيةISSR: وتتميز بإعطاء مستوى منخفضٍ من التباينات الوراثية، خاصة" في الأنواع التي تتميز مجيناتها بمستوىً منخفض من التعدد الشكلي.

تقنية SSR.

تستخدم معلمات DNA في العديد من النباتات بنجاح؛ لإجراء تحليل التعددية الشكلية ضمن الأنواع بغية معرفة درجة القرابة فيما بينها (Mohan وزملاؤه، 1997). حيث استخدمت في الإجاص تقنية (RFLPs) لتحديد درجة القرابة بين الأنواع الآسيوية الشرقية (Iketani وزملاؤه.، 1998) إضافة إلى أَشكال مختلفة من معلمات الحمض الريبي النووي منقوص الأكسجين الـ DNA المعتمدة على PCR متضمنة تقنية RAPD (Sharifani و Jackson.، 2000؛ Kim وزملاؤه.، 2005؛ Monte- corvo وزملاؤه.، 2000b؛ 2002؛ Shen وزملاؤه.، 2006؛ Teng وزملاؤه.، 2001؛ 2002)،AFLP (Monte-corvo وزملاؤه 2000a) و ISSR (Monte-corvo وزملاؤه، 2001؛ 2002) و SSR (Yamamoto وزملاؤه،2001؛a 2002؛ 2002b؛ 2002c؛ Bao وزملاؤه.، 2007؛ Cao وزملاؤه.، 2007؛ Wünsch و Hormaza.، 2007؛ Zhang وزملاؤه.، 2007؛ Brini وزملاؤه.، 2008؛ Zhengwang وزملاؤه.، 2009).

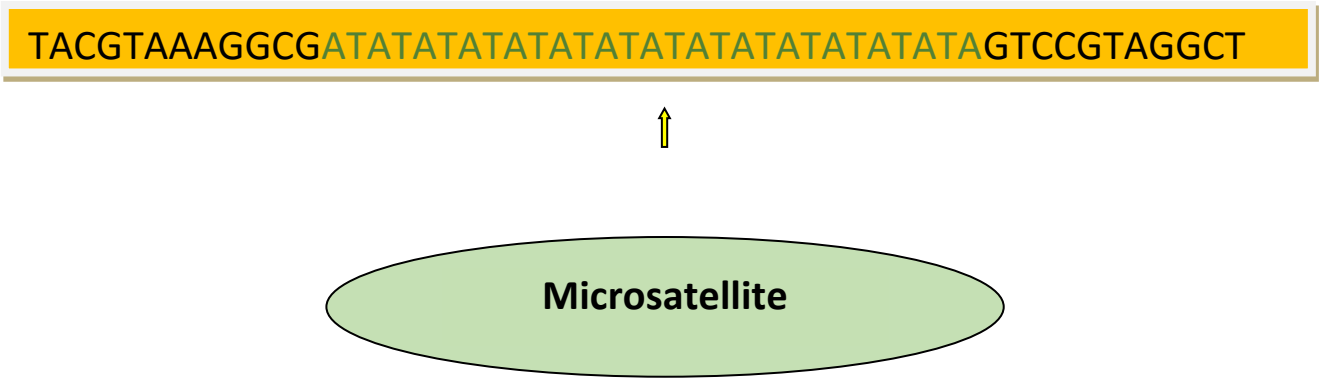
2-7 التوابع الدقيقة Micro satellites

تتكون مؤشرات التوابع الدقيقة Micro Satellite من سلاسل قصيرة متكررة بشكل ترادفي، تسمى وحدات متكررة، تتكون من توليفات مختلفة من أربع وحـــدات هي قـــواعد الحمض النـــووي DNA الأدينين (A)، السيتوزين (C)، الجوانين (G) والثيامين (T)، وهي تتواجد بكثرة في مجينات حقيقيات النـــوى، وتتـــوزع على جميـــع الصبغيـــات، سواء في المناطق المشـــفرة أوغيـــر المشـــفرة. لقد ذكر (Gianfranceschi وزملاؤه، 1998) أن التوابع الدقيقة تعد مواقع في الجينوم تحتوي على تسلسل قصير ذو تعددية عالية من DNA (1-6bp). وقد أكد (Yakavin وزملاؤه، 2011) أن مواقع الـــــ DNA هذه عالية التعددية الشكلية ولهذا فهي مقنعة في تقييم درجة القرابة بين الأنماط الوراثية.

تتكون الوحدات المتكررة من عدد من أزواج النيوكليوتيدات تتوالى مراراً وتكراراً من طرفيها، كما تُحاط هذه الوحدات بتتالي نيكليوتيدي يتواجد بمنطقة وحيدة في مجين أفراد النوع الواحد. تختلف التوابع الدقيقة Micro Satellite فيما بينها من حيث أماكن تواجدها ضمن المجين، وعدد الوحدات المتكررة المكونة لها، ونوعية نيوكليوتيدات الوحدات المتكررة.

وقد أشـــار (Powell وزملاؤه.، a 1996) إلى أنَّ الاختلاف في عدد الأزواج النيكليوتيدية المتكررة ينتج عن التباين في أنواع البادئات قليلة النيكليوتيدات المستخدمة والمحيطة بالتسلسل النيكليوتيدي للتكرار البسيط الترادفي، واستغل (Morgante و Oliveri وزملاؤه.، 1993) هذه الميزة للكشف عن التكرارات للسلاسل البســـيطةللحمض النووي DNA في فول الصـــويا، وميَّزها عن بعضـــها البعض من خلال تصـــميم بادئات متخصـــصـــة site-specific flanking primers تُحيط بالتكرار الترادفي للســـلســـلة البســـيطة للحمض النوويDNA للكشف عن كل موقع من مواقع هذه التسلسلات.

يعد (Tautz، 1989) أول من وصف هذا النوع من التكرارات البسيطة Microsatellite ضمن DNA، (الشكل 2).



الشكل (2): قطعة Microsatellite ذات الترتيب (AT)14 محصورة ضمن DNA

إن الوحدات التكرارية المشكلة لـ Micro Satellite هي عادة بسيطة، وتتكون من نيكلوتيدين أو ثلاثة أو أربعة، ومثال ذلك هو التسلسل المتكرر motif(CA)n حيث يتراوح الرقم n من 10–100، وهذا المؤشر الأخير CA ذو قابلية مرتفعة للكشف عن التباين الوراثي ضمن وبين الأفراد، وخاصة عندما يرتفع عدد الوحدات التكرارية لأكثر من 10 (Queller وزملاؤه، 1993).

2-7-1 تقنية ISSR

تعتمد تقنية ISSR التكرارات الترادفية البسيطة الداخلية على التوابع الدقيقة Micro satellite، وتستخدم هذه التقنية كمعلم جزيئي في دراسات البنية الوراثية والتنوع الوراثي وخصائص النباتات المدروسة (Fu- Rong وزملاؤه، 2007). حيث تعمل على تضخيم المواقع (100–3000bp) بين التوابع الدقيقة المتقاربة، والمتوضعة بشكل متعاكس (Zietkiewicz وزملاؤه، 1994)، باستعمال مرئسات وحيدة طولها (16–18bp)،

ومؤلفة من نكليوتيدات متكررة، ومحاطة في أغلب الأحيان بـ2–4 نكليوتيدات إمّا في المنطقة `5 أو`3. وعادة ما يضخم ISSR 25–50 منتجاً في التفاعل الواحد، ويمكن أن يكون عدد الحزم المنتجة مرتبطاً بشكل عكسي مع عدد النيوكليوتيدات في وحدة تكرار المحضر. إن الفائدة الرئيسة لهذه التقنية هي أنّها لا تتطلب وقتاً طويلاً لبناء المكتبة الوراثية، وعلى الرغم من حقيقة أنّ ISSR تورث كمعلمات سائدة وأحياناً غير سائدة، ومستوى التعددية الشكلية عالي إلى متوسط، طبيعة التوريث سائد إلى متنحي، القدرة على التضخيم عالية إلى متوسطة،والتكاليف منخفضة كما أن الجهد لتنفيذها منخفض (Van der Nest وزملاؤه.، 2000). إلّا أنّها معلمات ذات طبيعة عشوائية، فهي مناسبة بشكلٍ خاص لدراسات علم الوراثة العرقي وتقييم التنوع الوراثي وتحديد الأصناف (Korbin وزملاؤه، 2002 ؛ Cavan وزملاؤه، 2000 ؛ Jain وزملاؤه، 1999 ؛ Blair وزملاؤه، 1999 ؛ Wolfe وزملاؤه، 1998 ؛ Fang وزملاؤه، 1997 ؛ Gupta وزملاؤه، 1994 ؛ Zietkiewicz وزملاؤه، 1994)، إنّ بساطة معلمات ISSR تزيد من إمكانية استعمالها في الوسم المجيني (Ammiraju وزملاؤه، 2001)، وتعد معلمات ISSR مفيدة جداً في كشف اختلافات السلالات الخضرية الجسمية (Albani وزملاؤه.، 1998؛ Rostina وزملاؤه.، 1999؛ Leroy و Leon.، 2000). كما تفيد ISSRفي إمكانية دراسة غزارة انتشار SSR في المجين، إن الحزم المنتجة من قبل بادئات ISSR مع تسلسل تابع دقيق معطى يجب أن يعكس التسلسل المرتبط بالحافز في المجين.

توصف تقنية ISSR بأنها أكثر تكرارية من تقنية RAPD، بسبب طول البادئ المستعمل، الذي يعكس درجة حرارة مرتفعة لمرحلة التحام البادئات (Bornet و Branchard، 2001)، كما تتميز بوفرتها وتواجدها في مجينات الأنواع النباتية، ولا تحتاج إلى معلومات عن التسلسل المجيني المدروس (Kijas وزملاؤه، 1995 ؛ Tautz و Renz، 1984). أضف إلى ذلك أنّ نتائجها ثابتة عند تكرارها وهي سريعة، كما أنّها تتطلب كمية

قليلة من الحمض النووي DNA، ويمكن أتمتتها، حيث يمكن نشر البادئات وتبادلها بسهولة بين المخابر بمجرد معرفة التسلسل النيكليوتيدي لها. وتكشف نسب متوسطة من التعددية الشكلية واستخدمت لدراسة التنوع الوراثي في عدد من الأنواع النباتية مثل البطاطا (Bornet وزملاؤه، 2002)، والحمضيات (Fang و Roose.، 1997)، والعنب (Moreno وزملاؤه .، 1998)، والدراق (Dirlewanger وزملاؤه.، 1998)، والخوخ (Goulão وزملاؤه.، 2001)، والزيتون (Martins- Lopez وزملاؤه.، 2009)، وغيرها. ويمكن تصميم بادئات ISSR بسهولة بدون معلومات مسبقة عن التسلسل المجيني، وتستخدم بشكل واسع في مجالات المجمعات الوراثية ورسم الخرائط الوراثية ووسم الجينات (Rakoczy- Trojanowska و Bolibok.، 2004؛ Qian وزملاؤه.، 2007).

قام (Cho وزملاؤه.، 2012) باستخدام 147 بادئة من بادئات .RAPD، تم اختيار 51 منها وتطويرها لتتحول إلى بادئات المنطقة المضاعفة معروفة التسلسل SCAR ذات السيادة المشتركة، وقد لوحظ أن مجموعة من 8 بادئات SCAR كانت قادرة وبشكل فعال في التمييز بين 39 صنفاً من الإجاص المزروع في كوريا واليابان.

استخدم (Monte-corvo وزملاؤه.، 2000b) بادئات لـRAPD و AFLP و ISSR لمقارنة فعاليتها في التمييز بين أصناف الإجاص، وتقييم القرابة الوراثية بين 24 صنفاً من *P. communis*. ولم تسجل أي فروق جوهرية بين المعلمات الثلاثة المدروسة في كشف التعددية الشكلية، أو في تحديد القرابة الوراثية بين الأصناف.حيث أعطى AFLP أعلى قيمة للمؤشر (11.73) تليه ISSR (8.81)، في حين أظهر RAPD أقل قيمة (2.06).

درس (Zhu وزملاؤه.، 2009) التنوع الحيوي والقرابة الوراثية لـ26 مدخلاً من أنواع الإجاص باستخدام 45 بادئة ISSR، وتبين أن 16 بادئة فقط أعطت منتجات تضخيم، حيث وصلت إلى 173 حزمة. حيث أظهرت الدراسة أن الإجاص البري (*P. communis*) والإجاص الشرقي (*P. bretschneideri, P. pyrifolia, P. sinkiangensis, P. ussuriensis*) على درجة قليلة من القرابة الوراثية.

درس (Li و زملاؤه.، 2009) الاختلافات الوراثية بين 13 عينة متشابهة من *P.pyrifolia* باستخدام تقنية ISSR، حيث أعطت 58 بادئة 92 حزمة. كانت نسبة الحزم المضخمة 63.04%. ولدى استخدام تحليل UPGMA انقسمت الأصناف المدروسة إلى مجموعتين رئيسيتين وإلى 6 تحت مجموعات، وكان معدل التباعد الوراثي بين الأنماط الوراثية المدروسة 5.590.

تم استخدام تقنيتي RAPD وISSR؛ لتوصيف 26 صنفاً من أصناف الإجاص، أدى استخدام 25 بادئة من RAPD إلى الحصول على 103 حزمة من DNA. وأدى استخدام بادئات ISSR إلى الحصول على 135 حزمة في الأصناف المدروسة، وتراوح وزن الحزم بين 280–1790 bp. وقد بلغت درجة التعددية الشكلية للدنا 56.3% (RAPD) وزادت إلى 71.5% باستخدام تقنية ISSR. وقد أكدت نتائج هذا البحث فعالية هاتين التقنيتين لتوصيف أصناف الإجاص (Lisek و Rozpara، 2010).

درس(Shan وزملاؤه.، 2010) تصنيف وتطور 48 صنفاً رئيساً من الإجاص باستخدام ISSR. استخدمت هذه التقنية لتحليل درجة القرابة الوراثية فيما بينها. تم الحصول على 101 حزمة متعددة شكلياً من بين 113 حزمة باستخدام 14 بادئة ISSR بمعدل 7.2 حزمة متعددة لكل بادئة.

درس (Wu وزملاؤه.، 2010) العوامل المؤثرة على تفاعل ISSR على الإجاص، حيث دُرس حرارة الإلتحام، تركيز DNA Taq polymerase، تركيز الـ DNA، تركيز البادئ وتركيز dNTPs باستخدام تجربة

عامل واحد اعتماداً على جينوم *P.pyrifolia* المزروع في جنوب الصين. حيث تم الحصول على DNA الكلي من خلال طريقة CTAB المعدلة، وأثبتت هذه الطريقة فعالية استخدام معلم ISSR في التصنيف والتمييز بين 16 طرزاً باستخدام 863 بادئ ISSR.

استخدم (Wu وزملاؤه.، 2012) 16 بادئ ISSR لتمييز وتحديد 16 صنفاً من *P.pyrifolia* ، حيث أعطت هذه البادئات 135 حزمة مضخمة وكان منها 70.4% متعدداً شكلياً. وتراوح عدد الحزم بين 3- 8 حزمة لكل بادئ. وكان الصنفان الأقرب وراثياً هما "Niitaka" و"Soumi Tuniitaka" (0.9630).

درس (Song وزملاؤه.، 2015) العلاقة الوراثية بين 38 صنفاً من الإجاص الحساسة للبرودة باستخدام 19 بادئ ISSR حيث تم تضخيم 111 حزمة، كان 77.5% (86) منها متعدداً شكلياً. وتراوحت قيم التباعد الوراثي بين 0.69-0.97. انقسمت الأصناف المدروسة إلى أصناف غربية (*P. communis*) وأصناف شرقية، والتي انقسمت بدورها إلى الإجاص والإجاص الرملي *P.pyrifolia* و *P.zhangbao*. وكان الإجاص الرملي وأصنافه الحساسة للبرودة مرتبطة ببعضها تبعاً للتحاليل العنقودية.

استخدم (Jau- Yeah و Jau- Chang.، 2016) المعلمات الجزيئية SSR و ISSR و RAPD للتمييز بين أًصناف الإجاص الشرقي، وقد أثبتت كل من معلمات SSR،ISSR، RAPD قدرتها على التمييز بين أصناف الإجاص الشرقي المدروسة.

درس (Kalkişim وزملاؤه.، 2016) 31 نمطاً وراثياً من منطقة شرق البحر الأسود لتحديد العلاقة الوراثية فيما بينها باستخدام تقنيتي RAPD و ISSR، ومن بين 70 بادئاً، كان 22 بادئاً قادراً على إعطاء منتجات تضخيم واضحة. وتراوحت قيم مصفوفة التشابه بين 0.105 و 0.968.

استخدم (Khorshidi وزملاؤه.، 2017) 11 بادئاً من بادئات ISSR لدراسة التباين بين نمطاً وراثياً لصنف الإجاص "Dare Gazi" والمتباينة في حجم الشجرة، و33 صنف إجاص محلية وإقتصادية والمأخوذة من بستان Esteghlal وبساتين أخرى في مدينة مشهد الإيرانية والتي أعطت 230 حزمة مضخمة، كان منها 225 حزمة متعددة شكلياً، بمعدل 20.9 حزمة/ بادئ. وكانت تقنية ISSR قادرة على تمييز التباين الوراثي بين الأنماط الوراثية والأصناف المدروسة.

طبق (Sharma وزملاؤه.، 2017) تقنيتي RAPD و ISSR على 20 صنفاً من الإجاص لدراسة التباين الوراثي والعلاقات الداخلية فيما بينها، وأعطى 26 بادئاً من 40 بادئ RAPD 286 حزمة، كان منها 275 حزمة متعددة شكلياً، بنسبة تعددية شكلية 96.15%. في حين أعطى 21 بادئ من 26 بادئات ISSR 178 حزمة، كان منها 172 حزمة متعددة شكلياً، بنسبة تعددية شكلية 97.45%. وكان التباين الوراثي بين الأصناف المدروسة عالياً جداً بسبب الاختلاف في المنشأ.

2-7-2 تقنية SSR

تُعدُّ مؤشرات التكرارات الترادفية البسيطة SSR من المؤشرات الجزيئية المهمة جداً والواسعة الانتشار حالياَ (Powell وزملاؤه، 1996a)، والتي تتمتع بكفاءة مرتفعة في كشـــف التباينات ضـــمن المجمعات الحيوية، وهي عبارة عن التسلسل النيكليوتيدي الواقع بين التوابع الدقيقة أو Microsatellite.(Nurdan و Akkaya، 2001)

تُقيم تقنية SSR بأنها ذات كفاءة مرتفعة في كشـــف التباينات الوراثية الموجودة بين وضـــمن المجتمعات الحيوية (Roussel وزملاؤه، 2004)، كونها تتميز بمزايا ومؤهلات عديدة، يمكن تلخيصها بالآتي:

- ارتفاع معدل تطفرها، حيث أنَّ كســب أو فقد تكرار واحد بين جيل وآخر، يفوق عشــرة آلاف مرة احتمال حدوث طفرة تصيب قاعدة آزوتية واحدة في مورثة ما (Sweigart وزملاؤه، 1999).

- إمكانية الكشـف عن التتابعات النيكليوتيدية ذات السـيادة المشـتركة co-dominant في التوريث، كمـا وتكشـــف عن وجود القرينـات المتعددة multiallelic (Rafalski و Tingey، 1993). وبالتالي تكشف عن مستوى مرتفع من التباينات الوراثية.
- وفرتها وتواجدها على كل أجزاء المجين النباتي (Wang وزملاؤه، 2010)، وتوزعها بشـــكل منتظم أو شبه منتظم في المجينات النباتية كافة (Weber، 1990)

- نتائجها ثابتة عند تكرارها (Yu وزملاؤه، 1994). وتتطلب كمية قليلة من الحمض النووي منقوص الأوكسجين DNA. بالإضافة إلى سهولة استعمالها وتطبيقها عبر تفاعل PCR.

- إمكانية أتمتتها automation (Rafalski وTingey ، 1993)، وحيث أنَّه يمكن نشـــر البادئات وتبادلها بسهولة بين المخـابر بمجرد معرفـة التسلسل النيكليوتيدي لها (Yu وزملاؤه، 1994).

إلا أنَّه يُعاب عليها في أنَّها تحتاج إلى بادئات ذات تســـلســـل نكليوتيدي مُحدد، يُحدد مكان التكرار الترادفي للسلاسل البسيطة SSR.

أُســتخدمت هذه التقنية في العديد من الدراســات ذات الأهداف المختلفة مثل إنشــاء خرائط الارتباط الوراثية لعدد من الصفات المهمة ولأنواع نباتيـــة مختلفة (Liu وزملاؤه، 1996؛ Ramsay وزملاؤه، 2000؛ Karakousis وزمــلاؤه، 2003؛ Baum وزمــلاؤه، 2004؛ Emebiri وزمــلاؤه، 2005؛ Hamwieh وزملاؤه، 2005؛ Von – Korff وزملاؤه، 2006). وفــي دراســـة التنـــوع الوراثــي (Struss وPlieske ، 1998؛ Choumane وزملاؤه، 2000؛ Khlestkina وزملاؤه، 2004؛ Ozkan وزملاؤه، 2005؛ Ordon وزملاؤه، 2005). وكـذلـك في التمييز بين الأنواع، وتوضـــيح العلاقات التطورية، وتصـنيف المجموعات الوراثية (Russell وزملاؤه، 1997؛ Struss وPlieske ، 1998؛Matus وHayes ، 2002؛ Choumane وزملاؤه، 2000).

يتم اختبار PCR الخاص بـ SSR باستعمال بادئات متخصصة، يتألف كل منها من شقين: الأول يدعى Forward، ويلتحم في المنطقة التي تقع قبل SSR، والثاني يدعى Reverse، ويلتحم في المنطقة التي تقع بعد SSR، استخدم مؤشر SSR على نطاق واسع في مجال التحسين الوراثي ، ورسم الخرائط الوراثية، وتحديد مواقع للصفات الزراعية المهمة، ودراسة وتحليل مواقع الصفات الكمية QTLs، وتحليل التنوع الوراثي (Hamwieh وزملاؤه، 2005؛ Ordon وزملاؤه، 2005).

تم اختيار 60 مدخلاً من الإجاص الآسيوي من 6 أنواع من الإجاص وراثياً باستخدام 9 معلمات SSR أعطت ما مجموعه 133 قرين، حيث يمكن اعتبارها وسيلة معتمدة لتوصيف أصناف الإجاص الآسيوي. (Kimura وزملاؤه.، 2003).

قام (Fernάndez- Fernάndez وزملاؤه.، 2006) بدراسة 19 زوج من بادئات SSR على ستة أصناف من الإجاص الأوروبي (*P. communis*)، و15 نوعاً من أنواع *Pyrus* الأخرى، وجد أن 13 زوج من البادئات أعطت تعدداً شكلياً وحيد الموقع، و ستة أظهرت نتائج أخرى أكثر تعقيداً حيث كانت متعددة المواقع. وأعطت ما بين 2-18 قرين/ موقع، كما كان زوجان من البادئات مناسبين للكشف عن كل الطرز المدروسة.

استخدمت ستة أزواج من البادئات SSR (BGA35, KU10, BGT23b, NH004a, NH011b, NH015a) لتحديد التباين الوراثي والقرابة الوراثية بين أصناف الإجاص المحلية في شرق آسيا، وأعطت ما مجموعه 168 قريناً. وأظهرت جميع معلمات SSR مستوى عالي من التعددية الشكلية مع متوسط 28 قرين/ موقع، ونتج عشرة مجموعات عنقودية رئيسة باستخدام UPGMA العنقودي (متوسطات المجاميع الزوجية غير المزانة) (Bao وزملاؤه.، 2007).

قام (Brini وHormaza.، 2008) باستخدام 7 أزواج من بادئات SSR على 25 صنفاً تونسياً من الإجاص، حيث ضخمت هذه البادئات ما مجموعه 36 حزمة، وكانت كلها ما عدا واحدة قادرة على تضخيم أكثر من موقع واحد في الأصناف المدروسة. كما أظهرت هذه الدراسة تبايناً وراثياً كبيراً بين الأصناف

المدروسة، كما أن هذه البادئات ستكون مفيدة في الحفاظ على هذا الطرز الوراثية المهددة. كما تم استخدام 73 زوج من بادئات SSR مشتقة من صنف الإجاص الياباني (Housui) على عشرة أصناف من الإجاص الياباني وعشرة أصناف من الإجاص الأوروبي، أظهرت البادئات إمكانية نقلها إلى أنواع أخرى من Rosaceae (Nishitani وزملاؤه.، 2009).

استخدم (Ahmed وزملاؤه.، 2010) 12 زوجاً من بادئات الـ SSR على 56 مدخلاً من المجمع الوراثي للإجاص في كشمير بالإضافة إلى 8 أصناف مرجعية مأخوذة من محطة East Malling للأبحاث في إنكلترا. أعطت 9 بادئات 106 قرين، تراوحت بين 7-19 حزمة، بمعدل 11.8قرين/ بادئ.

طبق (Wolko وزملاؤه.، 2010) 40 زوجاً من بادئات SSR على ستة أصناف من الإجاص (*P. communis*) وفردين من الإجاص البري (*P. pyraster*)، حيث استطاع 19 زوجاً من البادئات على إعطاء تنوع وراثي بين الأنماط الوراثية المدروسة نظراً لتعدديتها الشكلية العالية، كما استطاعت هذه البادئات الفصل بين الأفراد البرية والأصناف المزروعة.

تم استخدام 62 زوجاً من بادئات SSR لـ 42 مدخلاً من البنك الوراثي البرازيلي للإجاص، أعطى 23 زوجاً منها نماذج قابلة للتكرار ومتعددة شكلياً، وعند المقارنة بين هذه الأزواج من البادئات، استطاع 11 زوجاً من البادئات تصنيف المدخلات من الإجاص الأوروبي والياباني والصيني عنقودياً إلى مجموعات منفصلة (Dequigiovanni وزملاؤه.، 2012).

تم استخدام عشرة أزواج من بادئاتSSR لإجراء البصمة الوراثية لـ 86 عينة من مجمعات الإجاص السويدي متضمنة 49 من الأصناف التراثية، و8 أنماط وراثية مرجعية من مجمع الفاكهة العالمي في Brogdale في إنجلترا. حيث وجد أن الأصناف السويدية القديمة المدروسة يمكن أن تمتلك آباءاً مختلفين عن الأصناف السويدية الحديثة ومعظم الأصناف الأجنبية (Sehic وزملاؤه.، 2012)

قام (Yue وزملاؤه.، 2014) باستخدام 4100 زوجاً من بادئات SSR على براعم الإجاص، حيث أعطت هذه البادئات ما مجموعه 8375 قريناً، كما قاموا بتطبيق 28 زوجاً من بادئات SSR على 28 مدخلاً من الإجاص بهدف دراسة القرابة الوراثية فيما بينها، حيث أظهرت هذه الأصناف درجة عالية من التعددية الشكلية، وتراوح عدد القرائن 2- 17، بمتوسط 9.43 قريناً للموقع الواحد، وتراوحت قيم متوسط معامل التعددية الشكلية (PIC) بين 0.26 إلى 0.91.

قام (Muzher و Sharaf، 2014) بإجراء بحث بهدف دراسة التباين الوراثي والقرابة الوراثية بين ستة أصناف من الإجاص السوري، كان منها 3 طرز وراثية برية (W.T1, W.T2, W.T3) من *P.syriaca* و 3 أصناف سورية (مسكاوي، رومي، وأبو سطل) ، والصنف Liconte باستخدام 15 زوجاً من بادئات SSR. كان 14 زوجاً منها قادراً على توصيف الطرز الوراثية المدروسة، وأعطت 47 قريناً، كان منها 44 متعددة شكلياً (93.6%). و عكست البيانات قدرة معلمات SSR على تحديد التباين الوراثي بين الطرز الوراثية السبعة المدروسة من الإجاص.

قام (Urrestarazu وزملاؤه.، 2015) باختبار29 زوجاً من بادئاتSSR على 244 مدخلاً من الإجاص، كان 141 منها من مجمع Universidad de Lleida الوراثي، و61 منها من المجمع الوراثي للجامعة الحكومية في Navarra (UPNA)، و42 صنفاً مرجعياً تم تربيتها في القرن التاسع عشر أو أبكر. أعطت هذه البادئات منتجات تضخيم قليلة، لم تعط ثلاثة منها نتائج تضخيم، في حين أعطى اثنان منها تضخيم في موقعين فقط.

الفصل الثالث: مواد البحث وطرائقه

Materials and Methods

مواد البحث وطرائقه: Materials and Methods

1-3 المادة النباتية: Plant Material

أجريت الدراسة على ثمانية أصناف من الإجاص بالإضافة إلى النوعين *P.* communis و *P. syriaca* المأخوذة من مركز أبحاث التفاحيات والكرمة في السويداء والتابع للهيئة العامة للبحوث العلمية الزراعية. وقد أخذت العينات من أشجار بعمر خمس سنوات مطعمة على النوع *P.* communis، عدا الأشجار التابعة للنوعين *P.* communis و *P. syriaca* فهي أشجار بذرية، وفيما يلي أهم المواصفات للعينات المدروسة:

1. *Pyrus communis*: الإجاص الأوروبي أو الإجاص الغربي، نشأ في المناطق المحيطة ببحر قزوين و السفوح الشمالية لجبال الهيملايا، ومنها انتشرت إلى جنوب أوروبا حيث استوطنت منذ زمن طويل. ويتبع لهذا النوع حوالي 4000 صنفاً تشكل أهم الأصناف المزروعة في العالم. تسنين الأوراق مائل، وتظهر الأوراق مع الأزهار، الكأس مستديم في الثمرة، متحمل لارتفاع نسبة الكلس الفعال في التربة وقلوية التربة.
2. *Pyrus syriaca*: شجيرة متوسطة الحجم ذات أشواك ثخينة وقصيرة، ينتشر برياً في منطقة القلمون وجبل العرب وتعد سورية الطبيعية الموطن الأصلي لهذا النوع، حيث يشاهد في الغابات السورية مرافقاً للبلوط والبطم يمتاز بتحمل عالي للجفاف وارتفاع الحرارة صيفاً، وارتفاع نسبة الكلس الفعال في التربة، حيث تتحمل الشجرة الأراضي الكلسية والفقيرة، ومقاومته العالية للأمراض والآفات، إضافة إلى تمتعه بمرونة بيئية عالية. الأوراق خضراء لامعة على السطح العلوي ضيقة متطاولة جلدية الملمس، الثماركمثرية الشكل صغيرة إلى متوسطة الحجم ذات أعناق غليظة، من عيوبه وجود الخلايا الحجرية بكثرة في الثمار،وانخفاض نسبة إنبات بذوره، كما أن نمو الغراس بطيء جداً. (مزهر وزملاؤه،2010؛ مزهر والحلبي، 2013).

و يوضح الجدولان (3، 4) أهم المواصفات الشكلية والإنتاجية لأصناف الإجاص المدروسة:

الجدول (3) يوضح أهم المواصفات الشكلية لأصناف الإجاص المدروسة

الأصناف	مكان النشأة	شكل التاج	لون الطرود	الأوراق		الأزهار		شكل البتلة
				شكل	حافة	الحجم	اللون	
كوشيا أحمر	إيطاليا	نصف مفترش	بني فاتح	بيضوية	مسننة	كبيرة	أبيض	بيضوي متطاول
غراند شامبيون	أميركا	نصف قائم	بني محمر	بيضوية	منشارية	متوسطة	أبيض	قطع ناقص
مسكاوي	سورية	نصف مفترش إلى قائم	بني فاتح	بيضوية مقلوبة	منشارية	كبيرة	أبيض مصفر	دائري
مصطفى بك	سورية	نصف مفترش	بني فاتح	قلبية	مسننة	صغيرة	أبيض	دائري
بارتلت أحمر	إنكلترا	نصف مفترش	بني فاتح قليلاً	بيضوية متطاولة	منشارية	صغيرة إلى متوسطة	أبيض موشح بالأحمر	دائري
كوشياص	إيطاليا	نصف قائم	بني مخضر	بيضوية	هضبية	متوسطة	أبيض مصفر	دائري
بارتلت	إنكلترا	نصف قائم إلى قائم	بني فاتح	بيضوية	منشارية	صغيرة	أبيض	دائري
كوميس	فرنسا	نصف قائم	بني مخضر	بيضوية	مسننة	كبيرة	سمنية	دائري

الجدول (4) يوضح أهم المواصفات الإنتاجية لأصناف الإجاص المدروسة

الأصناف	شكل الثمرة	لونها	طول الثمرة سم	قطر الثمرة سم	وزن الثمرة غ	طعم الثمرة	موعد الأزهار	موعد النضج	متوسط إنتاجية الشجرة كغ
كوشيا أحمر	مخروطي	أصفر مع خد أحمر	9	5.5	120.7	حلو	منتصف نيسان	منتصف آب	60-70
غراند شامبيون	إجاصي غير متناظر	متقشب بالكامل	7.5	5.7	134	حلو	آخر نيسان	النصف الثاني من أيلول	70-80
مسكاوي	إجاصي	أصفر	7.3	4.5	66.3	حلو	منتصف نيسان	منتصف تموز	80-90
مصطفى بك	إجاصي إلى مخروطي ناقص	أصفر	6.3	4.7	68.4	حلو	منتصف نيسان	أواخر تموز	50-60
بارتلت أحمر	مخروطي ضيق إلى إجاصي	أصفر مخضر مع خد أحمر	8	6.8	198.5	حامض حلو	آخر نيسان	النصف الأول من أيلول	60-70
كوشيا	بيضاوي مقلوب	أصفر	7.6	5.1	92.4	حلو	منتصف نيسان	منتصف آب	85-90
بارتلت	مخروطي ضيق	أصفر مخضر مع خد أحمر	8	6.1	156.4	حامض حلو	آخر نيسان	النصف الأول من أيلول	60-70
كوميس	مخروطي من الجهتين	أخضر مصفر محمر بشكل خفيف	7.7	7.1	208.4	حامض	منتصف نيسان	آخر أيلول	60-70

(قطب، 1974؛ مزهر وزملاؤه، 2010؛ مزهر والحلبي، 2013).

2-3 الدراسة الوراثية: Genetic study

تم اختيار الأوراق الخالية من الإصابات المرضية والحشرية من خمس أشجارٍ لكل صنف مطعمة على الأصل *P.communis* ومن المنطقة الوسطى للطرود والتي تعبر بدقةٍ عن صفات الصنف المدروس.

3-2-1استخلاص الـ DNA:

وقد تم ذلك بطريقة SDS وفق الخطوات الآتية:

1- تمّ طحن 1 غرام من الأوراق الخضراء الطازجة في هاون بورسلان باستعمال الآزوت السائل حتى الحصول على مسحوق ناعم حسب (Cao وزملاؤه، 2006؛ Cao وزملاؤه.، 2012) مع إجراء بعض التعديلات، نُقل بعدها إلى حوجلة زجاجية سعة 50ml وأضيف لها 10mlمن سائل الاستخلاص (SDS)، والمكون من:

(0.1M Tris-HCl,pH=8.2, 50mM EDTA, 0.1M NaCl, 2% SDS,1mg/ml proteinase K) ثمّ مُزجت جيداً.

2- حُضنت العينات مدّة 60 دقيقة مع التحريك المستمر ضمن حمام مائي عند 37°م، ثمّ نُقلت الحوجلة إلى الثلج، ووضعت فيه مدّة 5-10 دقائق.

3- أضيف بعد ذلك 10ml من مزيج كل من كلوروفورم/أيزواميل كحول بنسبة 1:24 ثمّ مُزج الخليط مدّة 15 دقيقة باستعمال هزاز آلي عند درجة حرارة المخبر.

4- تمّ نقل المزيج إلى أنبوب تثفيل سعة 30ml، وثفل المزيج (عملية الطرد المركزي) مدّة 10 دقائق بسرعة 10000 دورة بالدقيقة (10000 rpm).

5- أُخذت الطبقة العليا (المتشكلة عن عملية التثفيل، التي تمثل الوسط المائي الذي يحوي الأحماض النووية) بوساطة ماصة ونُقلت إلى أنابيب تثفيل جديدة.

6- أضيف الكحول الإيزوبروبانولي Iso-propanol بمعدل 3/2 من حجم الوسط المائي، ومُزج بهدوء بقلب الأنبوب رأساً على عقب عدّة مرات (تمّ في هذه المرحلة ترسيب الأحماض النووية على شكل كتلة خيطية هلامية أو بيضاء).

7- نُقل الحمض النووي (DNA) المترسب بوساطة ماصة دقيقة ذات نهاية معقوفة إلى أنبوب صغير سعة 2ml، وأضيف1.5mlمن محلول الغسيل Washing buffer(كحول إيثيلي 70%) البارد(المحفوظ بدرجة –20ْم)، وتُرك مدّة 20 دقيقة في الثلج حيث جمع الـ (DNA) بالتثفيل بسرعة (10000 rpm) مدّة 10 دقائق وبدرجة حرارة 4ْم.

8- استُبعد سائل الغسيل، وحُفظ الحمض النووي (DNA)المتجمع في قعر الأنبوب، وجُففت العينات باستعمال التجفيف مع التفريغ الحراري في مجفدة مدّة 10-20 دقيقة.

9- أُذيبت عينات الحمض النووي (DNA) في (500µl) من المحلول المنظم TE المكون من 10 mM Tris-HCl, 1mM EDTA،

10- خلال كل عملية استخلاص للحمض النووي (DNA) فإنّه لابدّ من وجود كمية من الحمض الريبي النووي(RNA) الناتجة عن عملية الاستخلاص (تختلف كمية الحمض النووي RNA باختلاف طريقة الاستخلاص، وباختلاف النسيج النباتي وعمره)، وعليه فإنّه لابد من استبعاد هذه الحمض النووي وفق مايلي: إضافة (2µl) من أنزيم RNase (10 mg/ml)، والتحضين على درجة 37 مº مدّة نصف ساعة وأضيف حجم مماثل من الكلوروفورم:ايزوميل الكحول (1:24)، وبعد التثفيل نُقل الطور العلوي لأنبوب جديد،وأُضيف له ضعف كمية المزيج من الإيتانول Ethanol النقي، لإعادة ترسيب الحمض النووي (DNA)، وتُرك عند الدرجة(4 مْ) مدّة ساعة، ثمّ رُسب المزيج بالتثفيل بسرعة (10000 rpm) ومدة 10 دقائق، وغُسل ثانيةً بواسطة الإيثانول 70%، وجُفف في الهواء للتخلص من آثار الإيتانول ضمن جهاز المجفف بالتفريغ والحرارة، ثمّ أُذيب الحمض النووي (DNA) في محلول TE المعقّم.

3-2-2 التقدير الكمي والنوعي للحمض الريبي النووي DNA:

استخدم جهاز الطيف الضوئي UV. SpectropHotometer(Jenway Genova) لتقدير كمية الحمض النووي DNA وتحديد نقاوته، حيث يعتمد الجهاز في عمله على قياس كمية الحمض النووي الموجودة، عن طريق تقديره لامتصاص الحمض النووي DNA للأشعة فوق البنفسجية (UV) بموجات طولها 260 و280 نانومتر (Prabhakar و Mark، 2002)، وقد ذكر Maniatis وزملاؤه (1982) أنّ النسبة بين قراءة الموجة 260 نانومتر والموجة 280 نانومتر OD 260/ OD 280 تُساعد في تقدير نقاوة الحمض النووي، إذْ يجب أن تتراوح هذه النسبة بين 1.8-2، كما أنّ قراءة الامتصاص على طول الموجة 260 نانومتر تسمح بحساب تركيز (DNA) في العينة المُقاسة، إذْ أنّ كل وحدة من الكثافة الضوئية تقابل نحو 50 µg/ml من (DNA) (ذات السلاسل المضاعفة)، وبذلك يحسب تركيز (DNA) من المعادلة الرياضية الآتية (Maniatis وزملاؤه، 1982):

DNA con. (µg/µl) = {OD260 x 100 (Dilution Factor) x 50 µg/ml}/1000

إذْ تمثل OD260 الكثافة الضوئية لامتصاص الحمض النووي (µg) عند الموجة 260 نانومتر، ثمّ مُددت عينات DNA للحصول على تركيز (40ng/µl)، كما تمّ التقدير النوعي على هلامة Agaros 0.8%، إذْ يظهر الـ DNA ذي النوعية الجيدة على شكل حزمة Band، بينما يكون الـ DNA سيء النوعية ممشحاً وغير واضح الحدود Smear.

3-2-3 تطبيق تقنية Inter Simple Sequence Repeats(ISSR) :

استُخدم في الدراسة 22 بادئة الجدول (5)، تمّ الحصول عليها من الهيئة العامة للطاقة الذرية في سورية بتركيز (10 Micromole)، كما استعمل (2X PCR Master Mix)، الذي تمّ الحصول عليه من شركة (Fermentas, Germany) الحاوي بشكل رئيسي على المكونات التالية:
(MgCl2,Taq-Polymerase, dNTPs).

جدول (5) الرموز والتسلسل النكليوتيدي ودرجة الحرارة لبادئات ISSR المستخدمة:

رمز البادئ	التسلسل النيكليوتيدي `3 ← `5	درجة حرارة الالتحام ْس
2	$(AG)_8T$	52
4	$(CA)_8G$	52
6	$(GA)_8CG$	56
7	$(TC)_8GA$	54
8	$(TC)_8AG$	54
9	$(AC)_8GG$	56
11	$(GGAGA)_3$	48
14	$CCAG(GT)_7$	56
18	$C(CT)_4(GT)_4G$	56
230/6	$(CA)_{11}$	56
230/22	$(GA)_{10}$	56
230/32	$(AG)_8C$	52
230/33	$(GA)_8T$	52
230/34	$(CT)_8G$	52
230/35	$(CA)_6ACAG$	52
230/36	$(TC)_8C$	52
230/37	$(TG)_8G$	52
230/40	$(AC)_8TT$	52
230/41	$(AC)_8CC$	56
230/43	$(TG)_8AA$	52
230/44	$(ATG)_6$	48
230/46	$GA(AGA)_5A$	48

أُجري تفاعل التسلسل البوليميرازي PCR وفقاً لـ (Lawyer وزملاؤه، 1993) مع بعض التعديلات. فكان حجم التفاعل النهائي 25µl الجدول (6).

الجدول(6): مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR لتقنية ISSR

مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR	الكميات
2X master mix	12.5 µl
DNA	(3.5µl)
Primer	(2µl)
H_2O	8.5 µl

وتم تطبيق هذا التفاعل في جهاز التدوير الحراري من شركة (APOLLO, USA) موديل ATC401 وفقاً للظروف الآتية:

1- الانفصال الأولي: عند درجة حرارة 94 ْم، مدّة 5 دقائق ليتم انفصال سلسلتي الحمض النووي (DNA).

2- 40 دورة تتضمن كل منها المراحل التالية:

- مرحلة الانفصال Denaturation: تمّ في هذه المرحلة رفع درجة الحرارة حتى94 ْم لمدة 30 ثانية ليتم انفصال سلسلتي الحمض النووي (DNA) عن بعضهما البعض، لتُصبحا في حالة سلسلة مفردة.

- مرحلة الالتحام Annealing: تمّ خفض درجة الحرارة إلى درجة تتراوح بين 50- 65 مْ، وذلك تبعاً لطول البادئة، وعددالنيكليوتيدات المكونة لها، ليتم التحام البادئة بالقطعة المكملة لها من الحمض النووي (DNA)، وتُعد هذه المرحلة الأهم خلال التفاعل لكي تتم مضاعفة سلسلة (DNA) بشكلٍ صحيح.

- مرحلة الاستطالة Extension: تمّ رفع درجة الحرارة لتصل إلى 72 ْم، ليتم إكمال تكوين السلاسل الجديدة بوجود أنزيمTaq-Polymerase، والنيكليوزيدات ثلاثية الفوسفات.

3- مرحلة الاستطالة النهائية: اكتمال التفاعل عند حرارة 72 ْم مدّة عشر دقائق.

ثمّ حُفظت العينات في درجة حرارة 4ْم، لتفصل الحزم بعدها بالترحيل على هلامة الآغاروز.

4-2-3 الرحلان الكهربائي والتلوين والتصوير:

تم الترحيل على هلامة الآغاروز 0.8% لتحديد نوعية DNA، 2% لاستخدامها في تقنية ISSR و4% ميتا فور أغاروز لاستخدامها في تقنية SSR في المحلول المنظم TBE 1X ، (10X TBE buffer = 108g Tris borate +g55 Boric acid + 9.2 EDTA) pH=8، والمضاف إليها 5 ميكروليتر من صبغة الإيتيديوم بروماید (10 ميكروغرام/ميكروليتر)، حيث حُملت عينات الحمض النووي DNA على هلامة الآغاروز، بإضافة 5 ميكروليتر من سائل التحميل الخاص 1X loading buffer BromopHenol blue والمكون من (15%Ficoll 400 + 1.03% bromopHenol blue + 0.03%Xglene cyanolff + 0.4% orange G + 10mM Tris-Hcl + 50mM EDTA)، كما تم حقن مؤشر من الحمض النووي 1Kpb (DNA)من شركة (Fermentas, Germany)، لتحديد حجم الحزم الناتجة، ليتم بعد ذلك الترحيل بمرور تيار كهربائي شدته 100 فولط، لفصل حزم الـ DNA الناتجة عن عملية التضخيم، وصُورت الهلامة بجهاز تصوير هلامة الآغاروزImage Analyzer (Agle Eye II staratagene) (Serwer، 1983).

3-2-5 دراسة القرابة الوراثية باستخدام بادئات قرائن المورثة S :

استُخدم في الدراسة 23 زوجاً من البادئات الجدول (7) ، تمّ الحصول عليها من شركة Eurofins MWG Synthesis TMBH بتركيز (10 Micromole)، كما استعمل (2X PCR Master Mix)، تمّ الحصول عليه من شركة (Fermentas, Germany).

جدول (7) الرموز والتسلسل النكليوتيدي ودرجة الحرارة لأزواج بادئات القرائن المستخدمة:

رمز البادئ	التسلسل النيكليوتيدي AUAP 5´ ⟶ 3´ Forword	التسلسل النيكليوتيدي 3´ ⟶ 5´ Reverse	درجة الحرارة للبادئ ْس
1	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	TCTAATCCTACTCCTTGT	53
2	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GATCCTCCTGACAAG	53
3	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GGGCTGTCAGATTTGCT	53
4	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GGGGTTCGAGTATTTTC	53
5	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	CTTTGAGATTTGTTATCGTC	53
6	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GCTGCCATATTTCCTATCT	53
7	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GGTTTGAGTGATGGATCTA	53
8	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GGGGTTCGAGTTTTTTTGC	53
9	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GGGGTTTGAGTGATGTATCTA	53
10	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	CTTGGATATGTCCAATCTG	53
11	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GCTTGGATATTTGTTATCC	53
12	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GGGCTGTCATATTTCCTA	53
13	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	ACGTTCGGCCAAATAATG	53
14	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GGGCTTGGATATTTTTTA	53
15	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	ATTTTCAATTTACGCAGCAATATC	53
16	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	CTGCAAAGWSHGACCTCAACCAATTC	53
17	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	ATGGGAATTACGGGGATGACATATATGT	53
18	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	CAATTTACGCAGCAATATCAG	53
19	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	TTGTTTACTGTTCAC	53
21	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	CAGTGGGATAAACATGGCTCCTGTGCG	53
22	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	CCTCTCAAAGGCGAATATTAAACCG	53
23	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	CGATTCAACCGAACGGGAATAAC	53
24	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	AGGAGGCTGGTGGATAT	53
28	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	GGTTTGTGGCCTTCA	53
H: A/ C/ T ،W: A/ T ،S: G/ C حيث			

أُجري تفاعل التسلسل البوليميرازي PCR وفقاً لـ (Lawyer وزملاؤه، 1993) مع بعض التعديلات.فكان حجم التفاعل النهائي 25µl الجدول (8).

الجدول(8): مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR لتقنية SSR

مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR	الكميات
2X master mix	12.5 µl
DNA	(3.5µl)
Primers	(1µl) each
H_2O	8.5 µl

وتم تطبيق هذا التفاعل في جهاز التدوير الحراري من شركة (APOLLO, USA) موديل ATC401 وفقاً للدورات الآتية:

1- الانفصال الأولي: عند درجة حرارة 94˚م، مدّة 5 دقائق ليتم انفصال سلسلتي الحمض النووي (DNA).

2- 40 دورة تتضمن كل منها المراحل التالية:

- مرحلة الانفصال Denaturation:تمّ في هذه المرحلة رفع درجة الحرارة حتى94˚م لمدة 30 ثانية ليتم انفصال سلسلتي الحمض النووي (DNA) عن بعضهما البعض، لتُصبحا في حالة سلسلة مفردة.

- مرحلة الالتحام Annealing: تمّ خفض درجة الحرارة إلى 53 مْ، ليتم التحام البادئة بالقطعة المكملة لها من الحمض النووي (DNA)، وتُعد هذه المرحلة الأهم خلال التفاعل لكي تتم مضاعفة سلسلة (DNA) بشكلٍ صحيح.

- مرحلة الاستطالة Extension: تمّ رفع درجة الحرارة لتصل إلى 72˚م، ليتم إكمال تكوين السلاسل الجديدة بوجود أنزيمTaq-Polymerase، والنيكليوزيدات ثلاثية الفوسفات.

3- اكتمال التفاعل عند حرارة 72 ْم مدّة عشر دقائق.

ثمّ حُفظت العينات في درجة حرارة 4 ْم، لتفصل الحزم بعدها بالترحيل على هلامة الآغاروز.

3-2-6 تحديد القرائن التابعة لمورثة العقم الذاتي في الإجاص:

تم الكشف عن قرائن مورثة العقم الذاتي باستخدام بادئات متخصصة لهذه المورثات (De Franceschi وزملاؤه، 2011؛ Moriya وزملاؤه، 2007؛ Takasaki وزملاؤه، 2006)، تمَّ الحصول عليها من شركة Eurofins MWG Synthesis TMBH الجدول (9).

الجدول (9) رموز والتسلسل النكليوتيدي لأزواج القرائن المستخدمة ودرجة حرارة التفاعلات لقرائن مورثة عدم التوافق الذاتي:

رمز البادئ	التسلسل النكليوتيدي (3´–5´)R	التسلسل النكليوتيدي (5´–3´) F (AUAP)	حرارة الالتحام(ºم)
S8	TCTAATCCTACTCCTTGT	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
S7	GATCCTCCTGACAAG	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
S36	GGGGTTCGAGTATTTTC	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sc	CTTTGAGATTTGTTATCGTC	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sd	GCTGCCATATTTCCTATCT	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Se	GGTTTGAGTGATGGATCTA	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sh	GGGGTTCGAGTTTTTTTGC	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
St	GGGGTTTGAGTGATGTATCTA	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sm	CTTGGATATGTCCAATCTG	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sr	GCTTGGATATTTGTTATCC	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Ss	GGGCTGTCATATTTCCTA	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sg	ACGTTCGGCCAAATAATG	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
SiSn	GGGCTTGGATATTTTTTA	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sk	ATTTTCAATTTACGCAGCAATATC	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sb	CTGCAAAGWSHGACCTCAACCAATTC	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sp	ATGGGAATTACGGGGATGACATATATGT	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
Sq	CAATTTACGCAGCAATATCAG	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
S19	TTGTTTACTGTTCAC	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
S2	CAGTGGGATAAACATGGCTCCTGTGCG	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
S5	CCTCTAAAGGGAATATTAAACCG	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
S11	CGATTCAACCGAACGGGAATAAC	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
S4	AGGAGGCTGTGGATAT	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
S6	GGTTTGTGGCCTTCA	GGCCACGCGTCGACTAGTAC	53
حيث S: G/ C ،W: A/ T ،H: A/ C/ T			

3-2-7 التحليل الاحصائي Statistical Analysis

جُمعت نتائج عملية الرحلان الكهربائي في جداول مخصـــصـــــة، اعتماداً على مقارنة وجود أو غياب حزم الحمض النووي DNA بين الذباتات، حيث أُعطي الرقم (1) عند وجود حزمة DNA ذات وزن جزيئي محدد عند أي صـــنف، والرقم (0) عند غيابها، ونُظِّمت الجداول لكل بادئة على حده (Zhong وزملاؤه، 2009؛ Adonina وزملاؤه، 2005).

حُدِّدت درجة القرابة الوراثية، ورُسمت شجرة القرابة الوراثية Dendrogram بين أصناف الإجاص المدروسة بتطبيق طريقة التحليل العنقودي Cluster analysis، باستخدام برنامج Popgene1.31 الإحصائي حيث يسمح التحليل العنقودي بتقسيم الأصناف المدروسة إلى مجموعات تعكس درجة القرابة الوراثية فيما بينها، فمن الممكن أن تتجمع العينات ضمن مجموعة واحدة بناءً على موطنها الأصلي، أو بناءً على أصلها ونسبها، ولهذا شُكِّلت مصفوفة النسب المئوية لعدم التوافق (PAV)، وقد تمَّ إنشاء هذه المصفوفة وفقاً لعدد وحدات التضاعف المشتركة بتطبيق متوسطات المجموعات الزوجية غيرالمزانة (UPGMA) حسب (Sneath و Sokal، 1973)، يدل ارتفاع قيم هذه المصفوفة على وجود اختلاف وراثي، وبازديادها يزداد التباين الوراثي بين العينات المدروسة (Nei، 1972؛ Nei، 1987). وحُسبت قيم معامل التعددية الشكلية (PIC) للبادئات المستخدمة وفق المعادلة:

$\mathbf{PIC = [\ \Sigma\ 2P_i(1-P_i)]}$ ، حيث P_i تكرارية الحزم i^{th} الناتجة عن استخدام البادئ من جميع العينات المدروسة (Botstein وزملاؤه، 1980؛ Mohammadi و Prasanna، 2003).

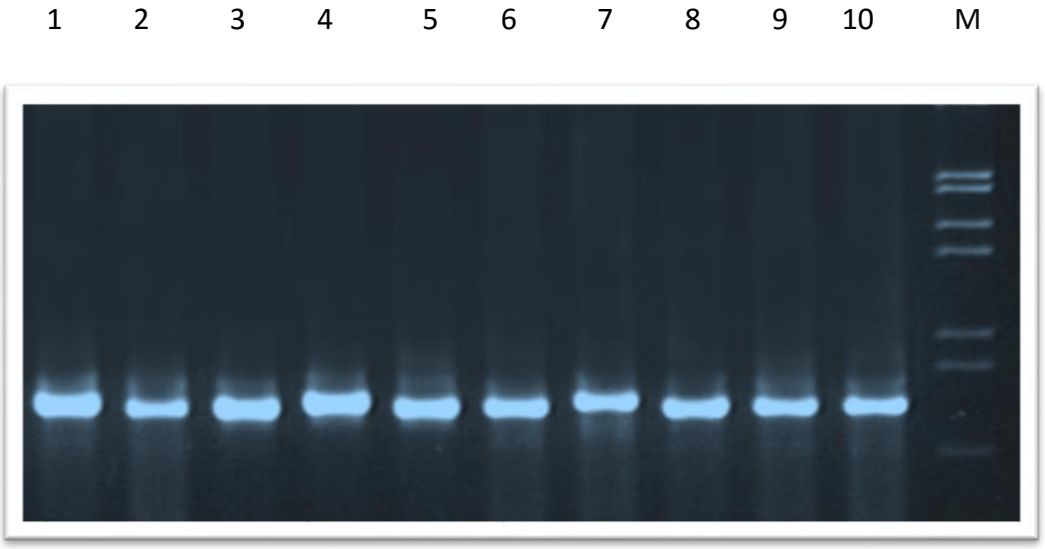
الفصل الرابع: النتائج والمناقشة

Results and Discussion

4-1 دراسة القرابة الوراثية باستخدام تقنية التكرارات الترادفية البسيطة الداخلية ISSR

4-1-1 اختبار جودة الـ DNA المستخلص على هلامة الأغاروز بواسطة الرحلان الكهربائي:

يبين الشكل (3) أن العينات الجيدة تتميز باحتوائها على جزيئات DNA ذات حجم مرتفع، لذلك نجد الـ DNA بأعلى الهلامة دالاً على نوعية جيدة عندما تكون خالية من التقطعات، أمَّا عند حدوث تقطعات في شريط الـ DNA أثناء عمليات التحضير، فإنَّ ذلك يؤدي إلى الحصول على جزئيات DNA تتدرج في أحجامها، وتظهر على هلامة الأغاروز على شكل خط مضيء طويل أسفل قطع DNA السليمة تدعى Smear.



شكل (3) هلامة الأغاروز بتركيز 0.8% لتحديد نوعية الحمض النووي DNA .

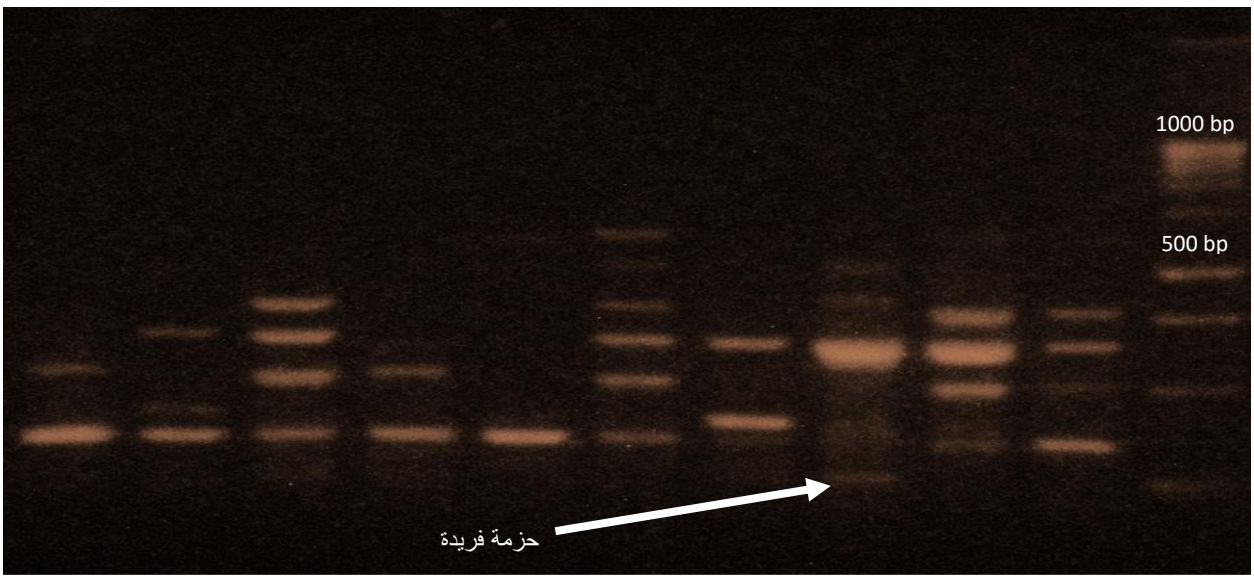
حيث M: 1kb ladder، 1: *P. communis*، 2: كوشيا أحمر، 3: غراند شامبيون، 4: مسكاوي، 5: مصطفى بك، 6: بارتلت أحمر، 7: كوشيا، 8: *P. syriaca*، 9: بارتلت، 10: كوميس.

4-1-2 تقدير تركيز الـ DNA باستخدام المطياف الضوئي UV- Spectrophotometer

أظهر حساب النسبة بين قراءات تركيز عينات الـ DNA المُستخلص من الأصناف الوراثية المدروسة عند موجات ضوئية بطول 280/260 نانومتر وباستخدام المطياف الضوئي قيماً تتراوح بين 1.821 و 1.964 وهي تُشير إلى نقاوة جيدة من الـ DNA، كما قُدِّرت تراكيز عينات الـ DNA ما بين 0.29 µg/µl – 0.43 في المحلول المنظم الذي خزنت فيه هذه العينات، ومدد تركيزه ليصبح 40 ng/ µl.

4-1-3 التعددية الشكلية الناتجة عن تطبيق تقنية ISSR في أصناف الإجاص المدروسة:

تضمنت الدراسة اختبار 22 بادئة،أثبتت 18 بادئة فعاليتها في إعطاء نواتج تضخيم في حين لم تعط 4 بادئات أية نواتج تضخيم في تفاعل التسلسل البوليميرازي الشكل (4)



الشكل (4) نواتج تضخيم البادئ 33/230 مع الطرز المدروسةوالحزمة الفريدة في هذا البادئ

حيث M: 1kb ladder، 1: *P. communis*، 2: كوشيا أحمر، 3: غراند شامبيون، 4: مسكاوي، 5: مصطفى بك، 6: بارتلت أحمر، 7: كوشيا، 8: *P. syriaca*، 9: بارتلت، 10: كوميس.

ونجم عن استخدام هذه البادئات ما مجموعه 110حزمة، الجدول (10) حيث أعطت البادئات المستخدمة 135 حزمة مع الأصناف المدروسة. أعطت معظم هذه البادئات تعددية شكلية polymorphic وبلغ متوسط النسبة المئوية للتعددية الشكلية 92.72%، كما تراوح عدد الحزم لكل بادئة بين 1 حزمة كأقل عدد مع البادئتين 9 و4 و16 حزمة كأعلى عدد مع البادئة 230/43 بمتوسط 6.11 حزمة لكل بادئة ، حيث بلغ متوسط الحزم المتعددة شكلياً 7.2 حزمة لكل بادئة. وكانت النسبة المئوية للتعددية الشكلية الأقل مع البادئتين 4 و230/6 بمقدار0% والأكبر مع البادئات 2، 6، 9، 11، 14، 18، 230/33، 230/34، 230/35، 230/36، 230/37، 230/43 و230/44 بمقدار100%. وتراوحت قيم معامل التعددية الشكلية (PIC) بين 0 عند كل من البادئات 4 و230/6 و0.376 عند البادئ 230/32، وكان متوسط قيمة PIC 0.215. يدل ذلك على قدرة بادئات ISSR المستخدمة على التمييز بين أصناف الإجاص، وتعد قيمة محتوى التعددية الشكلية PIC دليلاً على قدرة البادئات المدروسة على التمييز بين العينات المدروسة، إذ كلما ارتفعت هذه القيمة كان دليلاً على قدرة البادئ على إعطاء تعددية شكلية وبالتالي القدرة على التمييز بين العينات المدروسة.

جدول (10) عدد الحزم الكلية وعدد الحزم المتعددة شكلياً والنسبة المئوية للتعددية الشكلية (%) وقيم معامل التعددية الشكلية باستخدام تقنية ISSR.

اسم البادئة	عدد الحزم الكلية	عدد الحزم المتعددة شكلياً	النسبة المئوية للتعددية الشكلية	PIC
2	14	14	100	0.338
4	1	0	0	0
6	4	4	100	0.181
9	1	1	100	0.18
11	8	8	100	0.314
14	11	11	100	0.252
18	3	3	100	0.181
230/6	2	0	0	0
230/32	6	5	83	0.376
230/33	8	8	100	0.326
230/34	5	5	100	0.232
230/35	3	3	100	0.269
230/36	5	5	100	0.248
230/37	6	6	100	0.204
230/40	2	1	50	0.269
230/41	5	2	40	0.100
230/43	16	16	100	0.216
230/44	10	10	100	0.361
المجموع	**110**	**102**		
المتوسط	**6.11**	**5.67**	**92.72**	**0.215**

تراوحت قيم مصفوفة عدم التوافق (PDV) لتقنية ISSR بين العينات العشرة المدروسة بين 0.8503 (مسكاوي وكوميس)، مما يدل على التباين الوراثي الكبير بين هذين الصنفين و0.3567 (كوشيا أحمر وبارتلت أحمر) وهما الأقرب وراثياً لبعضهما البعض، وبمتوسط عام قدره 0.60. وقد كان الصنف بارتلت هو الأبعد وراثياً عن

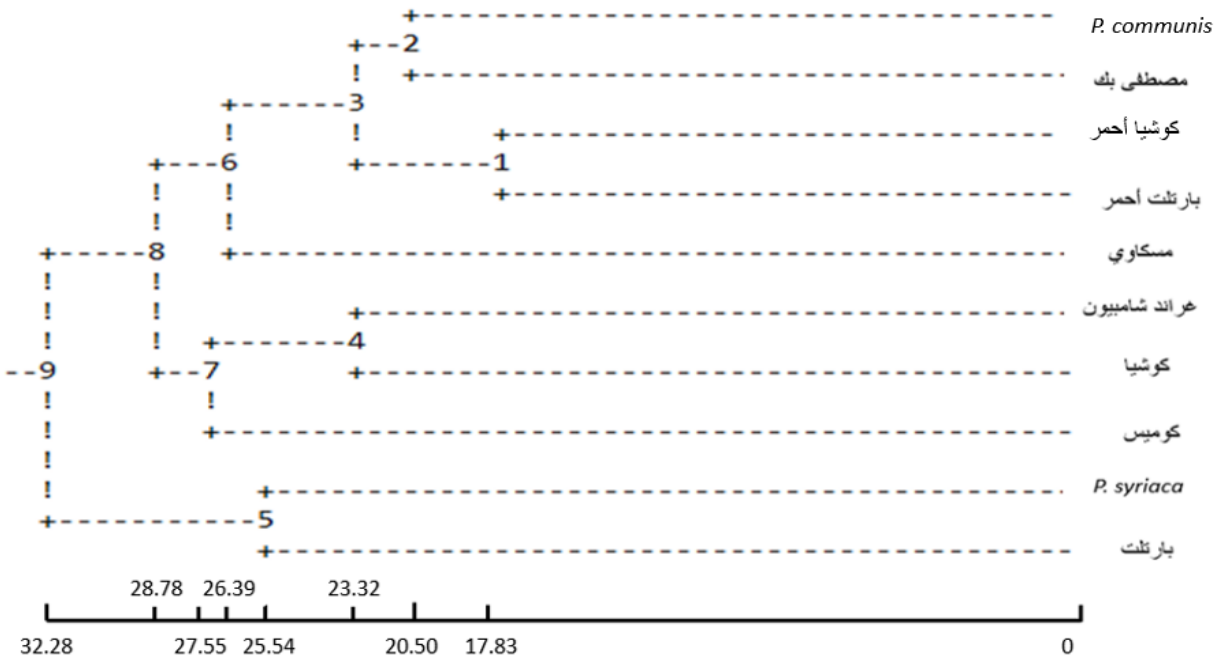
النوع *P.communis* (PDV=0.6931)، والصنف مصطفى بك هو الأقرب وراثياً له (PDV= 0.4100)، بينما كان الصنف بارتلت هو الأقرب للنوع *P.syriaca* (PDV=0.5108)، وكان الصنف بارتلت أحمر هو الأبعد عنه(PDV=0.4958). وبشكل عام أظهرت نتائج الدراسة وجود درجة تشابه وراثي متوسطة بين الأصناف المدروسة وكانت بحدود 40% (PDV=0.60) الجدول (11).

جدول (11) مصفوفة المتوسط العام لنسب عدم التوافق PDV للأصناف المدروسة باستخدام تقنية ISSR

	P. communis	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	0.0000									
كوشيا أحمر	0.4378	0.0000								
غراند شامبيون	0.6400	0.3830	0.0000							
مسكاوي	0.4520	0.5573	0.7492	0.0000						
مصطفى بك	0.4100	0.4520	0.6931	0.4958	0.0000					
بارتلت أحمر	0.4520	0.3567	0.5416	0.6061	0.4378	0.0000				
كوشيا	0.5573	0.4520	0.4664	0.5261	0.5733	0.4378	0.0000			
P. syriaca	0.5261	0.5733	0.5261	0.5261	0.5733	0.4958	0.5733	0.0000		
بارتلت	0.6931	0.7885	0.7302	0.7687	0.8293	0.7687	0.6061	0.5108	0.0000	
كوميس	0.5896	0.5416	0.4958	0.8503	0.5733	0.5261	0.6061	0.6400	0.7115	0.0000
المتوسط	0.5287	0.5131	0.6003	0.6289	0.5974	0.5571	0.5952	0.5754	0.7115	0.5897

ويبين الشكل (5) الموضح لشجرة القرابة العنقودية للأصناف المدروسة والتي انقسمت إلى عنقودين رئيسين، ضم الأول كلاً من *P.syriaca* وبارتلت بمسافة وراثية قدرها (25.54)؛ أما العنقود الثاني فقد ضم بقية الأصناف المدروسة. حيث انقسم إلى تحت عنقودين، ضم تحت العنقود الأول الأصناف كوميس وغراند شامبيون وكوشيا، وضم تحت العنقود الثاني ثلاثة تحت تحت عنقود ضم تحت تحت العنقود الأول الصنف مسكاوي منفرداً، وضم تحت تحت عنقود العنقود الثاني النوع *P. communis* مع الصنف مصطفى بك بمسافة وراثية (20.50)، في حين ضم تحت تحت العنقود الثالث الصنفين بارتلت أحمر وكوشيا أحمر بمسافة وراثية (17.83) وهما الأقرب لبعضهما البعض. كما تظهر الشجرة التباعد الكبير بين النوعين *P.communis* L. و *P.syriaca*.

يتبين مما سبق أن تقنية ISSR كانت فعالة في التمييز بين أصناف الإجاص (كوشيا أحمر، غراند شامبيون، بارتلت أحمر، كوشيا أصفر، بارتلت أصفر، كوميس، مسكاوي، مصطفى بك) والنوعين المدروسين *P.communis*، *P.syriaca*.



الشكل (5) شجرة القرابة الوراثية بين الأصناف المدروسة اعتماداً على تقنية ISSR.

يتبين من الجدول (12) أن البادئات المستخدمة أعطت مع الطرز المدروسة ما مجموعه 328 حزمة، وبمعدل 18.22 حزمة /بادئ، أعطى البادئان 2، 41/230 أعلى عدد من الحزم وبلغ 44 حزمة، يليه البادئ 44/230 الذي أعطى 38 حزمة مع جميع الطرز المدروسة، في حين أعطى البادئ (9) أقل عدد من الحزم الكلية مع الطرز المدروسة بمقدار حزمة واحدة فقط.

الجدول (12) عدد الحزم الكلية لكل بادئ ISSR مع الأصناف المدروسة:

اسم البادئ	عدد الحزم الكلية
2	44
4	10
6	4
9	1
11	21
14	21
18	3
32 /230	29
33 /230	23
34 /230	8
35 /230	6
36 /230	9
37 /230	8
40 /230	16
41 /230	44
43 /230	23
44 /230	38
6/230	20
المجموع	328
المتوسط	18.22

بالنسبة للأصناف المدروسة وكما يبين الجدول (13)، فقد أعطت ما مجموعه 41 حزمةً فريدة مع بادئات ISSR المستخدمة، والتي تعد كلها موجودة موجبة، مما يدل على أن البادئات امتلكت القدرة على تمييز الأصناف المدروسة عدا البادئات 4، 6/230، 35/230، 230/ 40، 230/ 41 التي لم تعط أي حزمة

فريدة، وأعطى الأصل *P. syriaca* أعلى عدد من الحزم الفريدة وبلغ 41 حزمةً فريدة، وأعطى كل من الصنفين مصطفى بك وبارتلت أحمر حزمةً فريدةً واحدة فقط، في حين لم يعط الصنف كوشيا أحمر أي حزمة فريدة مع البادئات المدروسة. في حين أعطى البادئ 43/230 أعلى عدد من الحزم الفريدة من أصل 41 حزمةً وبلغ 11 حزمة فريدة مع الطرز المدروسة، مما يدل على قدرته على التمييز بين طرز الإجاص المدروسة، في حين أعطى البادئان 230/ 32، 9 أقل عدد من الحزم الفريدة وبلغ حزمة واحدة فقط. في حين لم تعط البادئات 4، 6/230، 230/ 35، 40/230، 230/ 41 أي حزمة فريدة.

الجدول (13) الحزم الفريدة للأصناف المدروسة وفق بادئات ISSR

الطراز / البادئ	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. syriaca*	بارتلت	كوميس	المجموع
2	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	2
	-	-	-	-	-	-	-	7	-	-	
6	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	4
	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	
	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	
	-	-	4	-	-	-	-	-	-	-	
9	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1
11	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	3
	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	
	-	-	-	-	-	-	5	-	-	-	
14	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	4
	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	
	-	-	-	-	-	-	-	10	-	-	
	-	-	11	-	-	-	-	-	-	-	
18	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	3
	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	
	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	
32/230	-	-	-	-	6	-	-	-	-	-	1
33/230	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
34/230	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2
	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	
36/230	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3
	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	
	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	
37/230	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	4
	-	-	-	-	-	-	-	-	4	-	
	-	-	-	-	-	-	-	-	5	-	
	-	-	-	-	-	-	-	-	6	-	
43/230	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	9
	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	
	-	-	-	-	-	-	-	9	-	-	
	-	-	-	-	-	-	-	10	-	-	
	-	-	-	-	-	-	11	-	-	-	

	-	-	13	-	-	-	-	-	-	-
	-	-	14	-	-	-	-	-	-	-
	-	-	15	-	-	-	-	-	-	-
	-	-	16	-	-	-	-	-	-	-
2	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-
	-	-	-	-	-	-	5	-	-	-
41	3	4	20	2	1	1	3	3	0	4

44/230	
المجموع	

4-2 التعددية الشكلية الناتجة عن بادئات قرائن المورثة S في أصناف الإجاص المدروسة:

تم دراسة درجة القرابة الوراثية باستخدام 23 زوجاً من البادئات، أثبت 21 زوجاً من البادئات قدرتها على إعطاء منتجات SSR متعددة شكلياً من العينات المدروسة، في حين لم يعط زوجي البادئات(AUAP+ 17, AUAP+15) أي منتجات تضخيم، وكانت أزواج البادئات قادرة على التمييز بين عينات الإجاص المدروسة.

يظهر من الجدول (14) أن أزواج البادئات أعطت ما مجموعه 37 قرين، بمعدل 1.76 قرين/ البادئ. وتراوحت القرائن لكل بادئ بين قرين واحد كأقل عدد من القرائن للبادئات (AUAP+7، AUAP+11، AUAP+6، AUAP+12، AUAP+1، AUAP+2، AUAP+13)، و3 قرائن لكل زوج من البادئات (AUAP +16، AUAP+23) كعدد أعظمي للقرائن، كانت جميع القرائن الناتجة متعددة شكلياً. وتراوح معامل التعددية الشكلية (PIC) بين 0.18 لزوج البادئات (AUAP+6)؛ و 0.5 مع أزواج البادئات (AUAP+5، AUAP+21)، وكان متوسط قيمة PIC 0.425، مما يدل على قدرة أزواج البادئات المستخدمة على التمييز بين طرز الإجاص المدروسة.

جدول (14) عدد الحزم الكلي من أزواج البادئات المستخدمة، وعدد الحزم المتعددة شكلياً، والنسبة المئوية للتعددية الشكلية (%) للحزم وقيم معاملPIC

رموز البادئات	الحزم الكلية	الحزم المتعددة شكلياً	التعددية الشكلية%	PIC
AUAP+1	1	1	100	0.32
AUAP+2	1	1	100	0.42
AUAP+5	2	2	100	0.5
AUAP+6	1	1	100	0.18
AUAP+7	1	1	100	0.32
AUAP+8	2	2	100	0.495
AUAP+9	2	2	100	0.48
AUAP+10	2	2	100	0.455
AUAP+11	1	1	100	0.48
AUAP+12	1	1	100	0.48
AUAP+13	1	1	100	0.48
AUAP+14	2	2	100	0.255
AUAP+16	3	3	100	0.3542
AUAP+18	2	2	100	0.495
AUAP+19	2	2	100	0.48
AUAP+20	2	2	100	0.42
AUAP+21	2	2	100	0.5
AUAP+22	2	2	100	0.42
AUAP+23	3	3	100	0.4982
AUAP+24	2	2	100	0.48
AUAP+28	2	2	100	0.48
المجموع	37	37		
المتوسط	1.76	1.76	100	0.425

يتبين من الجدول (15) أن البادئات المستخدمة أعطت مع الطرز المدروسة ما مجموعه 177 حزمة، وبمعدل 8.04 قرين /بادئ، أعطى زوج البادئات(AUAP+23) أعلى عدد من القرائن وبلغ 16 قرين، يليه زوجي

البادئات (AUAP+20، AUAP+22) الذين أعطوا 14 قريناً، أما زوج البادئات (AUAP+14) فقد أعطى 3 قرائن، في حين أعطى الزوج (AUAP+6) أقل عدد من القرائن (قرين واحد فقط).

الجدول (15) عدد الحزم الكلية لكل زوج بادئات مع الأصناف المدروسة:

اسم البادئ	عدد الحزم الكلية
AUAP+1	8
AUAP+2	7
AUAP+5	10
AUAP+6	1
AUAP+7	8
AUAP+8	9
AUAP+9	8
AUAP+10	13
AUAP+11	4
AUAP+12	4
AUAP+13	6
AUAP+14	3
AUAP+16	7
AUAP+18	11
AUAP+19	8
AUAP+20	14
AUAP+21	10
AUAP+22	14
AUAP+23	16
AUAP+24	8
AUAP+28	8
المجموع	177
المعدل	8.04

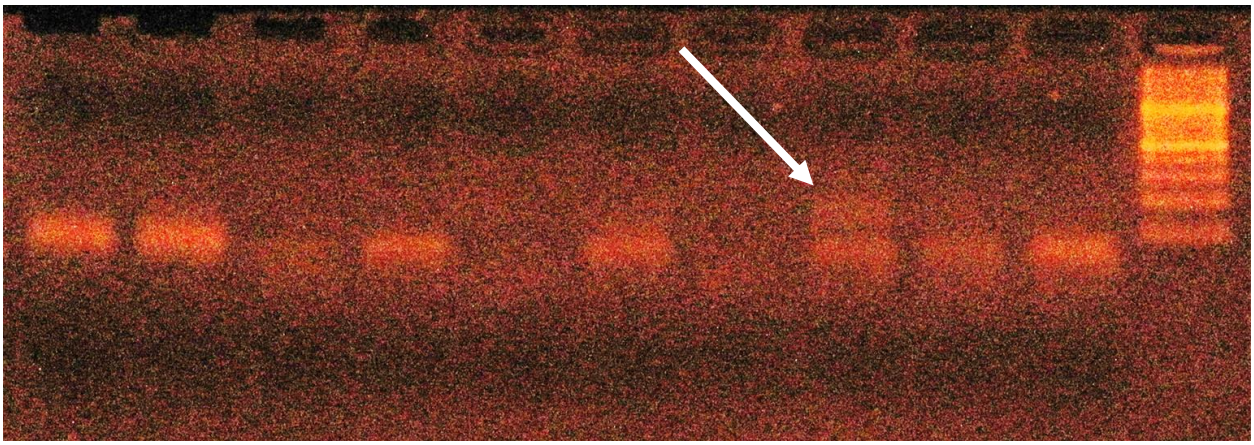
يلاحظ من الجدول (16) أن أزواج البادئات المدروسة أعطت مع الأصناف المدروسة 8 من القرائن الفريدة مما يدل على أن أزواج البادئات المستخدمة قد امتلكت القدرة على التمييز بين الأصناف المدروسة. كانت

سبعة قرائن فريدة موجبة، وقريناً واحداً سالباً للنوع *P. syriaca* مع زوج البادئات (AUAP+23)، أعطى الأصل *P. syriaca* أعلى عدد من القرائن الفريدة وبلغ 4 قريناً، وكل من (*P. communis* ، كوشيا، بارتلت أحمر، بارتلت) قريناً واحداً لكل منها، ولم تعطي بقية الطرز (كوشيا أحمر، غراند شامبيون، مسكاوي، مصطفى بك، كوميس) أي قرين فريد مع أزواج البادئات المدروسة. أعطى زوج البادئات (AUAP+23) أعلى عدد من القرائن الفريدة وبلغ قرينين فريدين مع الأصناف المدروسة، كان واحد منها سالباً، في حين أعطت أزواج البادئات (AUAP+6، AUAP+8، AUAP+9، AUAP+14، AUAP+16، AUAP+28) قريناً واحداً فقط، وكانت كلها موجبة، ولم تعطِ بقية أزواج البادئات أي قرين فريد.

الجدول (16) يبين الحزم الفريدة للأصناف المدروسة

الطراز / زوج البادئات	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. syriaca*	بارتلت	كوميس	المجموع
AUAP+6	+1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
AUAP+8	-	-	-	-	-	-	+2	-	-	-	1
AUAP+9	-	-	-	-	-	-	-	+1	-	-	1
AUAP+14	-	-	-	-	-	-	-	-	+2	-	1
16AUAP+	-	-	-	-	-	+2	-	-	-	-	1
AUAP+23	-	-	-	-	-	-	-	+1	-	-	2
	-	-	-	-	-	-	-	-3	-	-	
AUAP+28	-	-	-	-	-	-	-	+1	-	-	1
المجموع	1	-	-	-	-	1	1	4	1	-	8

ويوضح الشكل (6) الحزمة الفريدة للنوع *P. syriaca* مع زوج البادئات (9 +AUAP).



الشكل (6) يوضح الحزمة الفريدة مع زوج البادئات (AUAP+ 9)

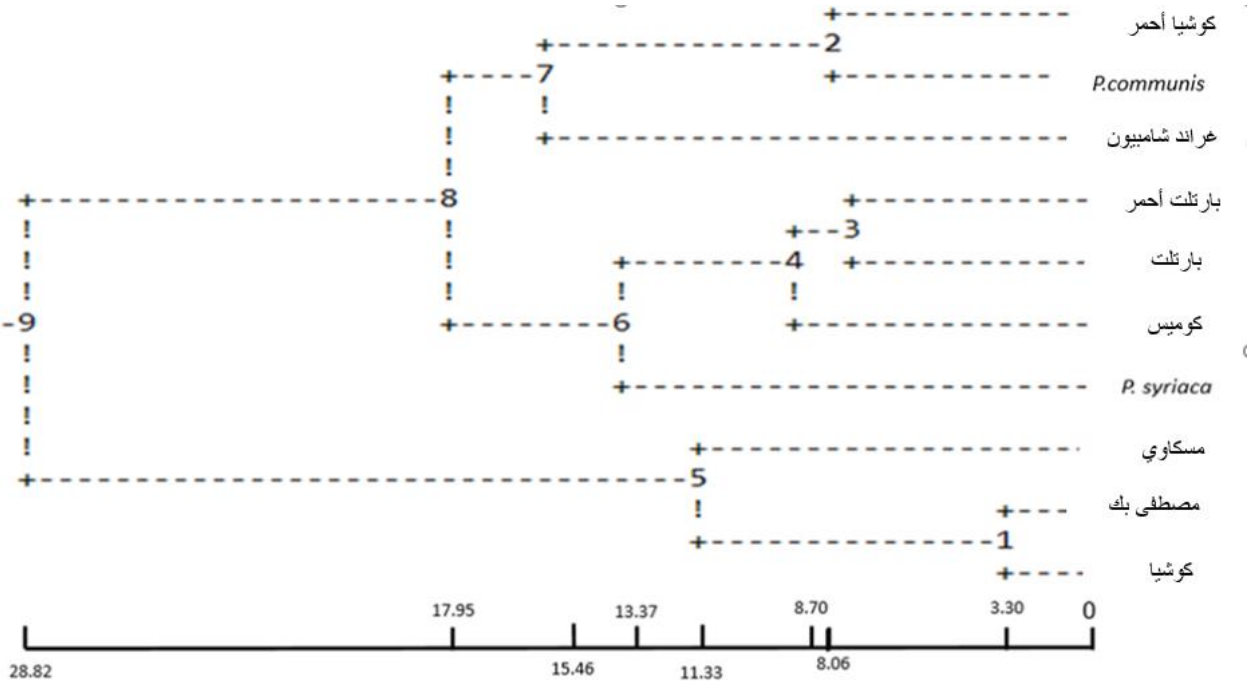
يبين الجدول (17) أن قيم مصفوفة النسب المئوية للتوافق (PAV) بين العينات المدروسة قد تراوحت بين 0.9362 ما بين مصطفى بك وكوشيا، والذين كانا الأقرب لبعضهما البعض، ثم 0.8511 بين بارتلت الأحمر وبارتلت، وبين بارتلت الأحمر وكوميس، و0.8298 بين مصطفى بك ومسكاوي (وهما صنفان محليان)، وبين كوميس وبارتلت. أما أقل قيمة لـ PAV فكانت 0.4468 بين مصطفى بك و *P.syriaca* واللذان كانا الأبعد عن بعضهما البعض. وكان متوسط PAV 0.6788، مما يدل على تنوع كبير بين أصناف الإجاص المدروسة.

جدول (17) مصفوفة قيم النسبة المئوية للتوافق (PAV) الناتجة من التشابه الوراثي بين الأصناف المدروسة

	P.communis	كوشيا الأحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت الأحمر	كوشيا	*P. syriaca*	بارتلت	كوميس
P.communis	-----									
كوشيا الأحمر	0.8511	-----								
غراند شامبيون	0.7234	0.7447	-----							
مسكاوي	0.7234	0.6170	0.7021	-----						
مصطفى بك	0.5532	0.4894	0.6596	0.8298	-----					
بارتلت الأحمر	0.7021	0.7660	0.7234	0.6809	0.5957	-----				
كوشيا	0.5319	0.4681	0.5957	0.7660	0.9362	0.5745	-----			
P.syriaca	0.5957	0.6170	0.6596	0.5745	0.4468	0.7234	0.4681	-----		
بارتلت	0.6809	0.7021	0.7021	0.6170	0.5319	0.8511	0.5106	0.7872	-----	
كوميس	0.7234	0.7872	0.7447	0.6170	0.4894	0.8511	0.4681	0.7872	0.8298	-----
المتوسط	0.6461	0.6489	0.6839	0.6809	0.600	0.7500	0.4823	0.7872	0.8298	0.6788

انفصلت شجرة القرابة الوراثية للأصناف المدروسة إلى عنقودين رئيسين (الشكل 7)، ضم الأول مصطفى بك وكوشيا بمسافة وراثية (3.30) ومسكاوي بمسافة وراثية (11.33). في حين ضم العنقود الثاني بقية الأصناف المدروسة، والتي انفصلت إلى تحت عنقودين بمسافة وراثية (17.95)، ضم تحت العنقود الأول كوشيا أحمر و *P. communis* بمسافة وراثية (8.06)، و غراند شامبيون بمسافة وراثية (15.46)، وضم تحت العنقود الثاني بارتلت أحمر و بارتلت بمسافة وراثية (8.06)، وكوميس بمسافة وراثية (8.70)، و *P.*

syriaca، كانت الطرز الأقرب لبعضها مصطفى بك وكوشيا، *P. communis* وكوشيا أحمر، وبارتلت وبارتلت أحمر.



الشكل (7) شجرة القرابة الوراثية بين الأصناف المدروسة

4-3 مقارنة بين تقنيتي الـ ISSR وتحديد درجة القرابة باستخدام بادئات قرائن المورثة S

أُستخدم لتحديد درجة القرابة الوراثية باستخدام بادئات قرائن المورثة S 23 زوجاً من البادئات، أثبتت جميعها فعاليتها في تمييز الأصناف الوراثية المدروسة عدا الزوجان (AUAP+17, AUAP+15)، بينما أُستخدم في تقنية الـ ISSR 22 بادئة، أعطى 18 بادئة منها نواتج تضخيم، كانت النسبة المئوية للبادئات التي أعطت نتائج تضخيم في كانت (95.65، 81.82 %، على التوالي)، مما يعني أن التقنية الأولى أكثر فعالية في التمييز بين الأصناف المدروسة ويعود ذلك لكون البادئات المختبرة تمتلك تخصصية أكبر بالنسبة للحمض النووي DNA للأصناف الوراثية المدروسة كافة. وبلغ عدد الحزم الكلية في تقنية الـ ISSR 110 حزمةً، 102

حزمة منها متباينة شكلياً، وبلغت النسبة المئوية للتعددية الشكلية 92.72%، في حين بلغ عدد القرائن الكلية 37 قريناً عند استخدام بادئات قرائن المورثة S لتحديد درجة القرابة الوراثية، وكانت كلها متباينة شكلياً، وبلغت النسبة المئوية للتعددية الشكلية 100%. كان متوسط قيم معامل التعددية الشكليةPIC أكبر عند استخدام بادئات قرائن المورثة S منها في الـISSR حيث بلغت 0.425، و0.215 في ISSR. الجدول (18).

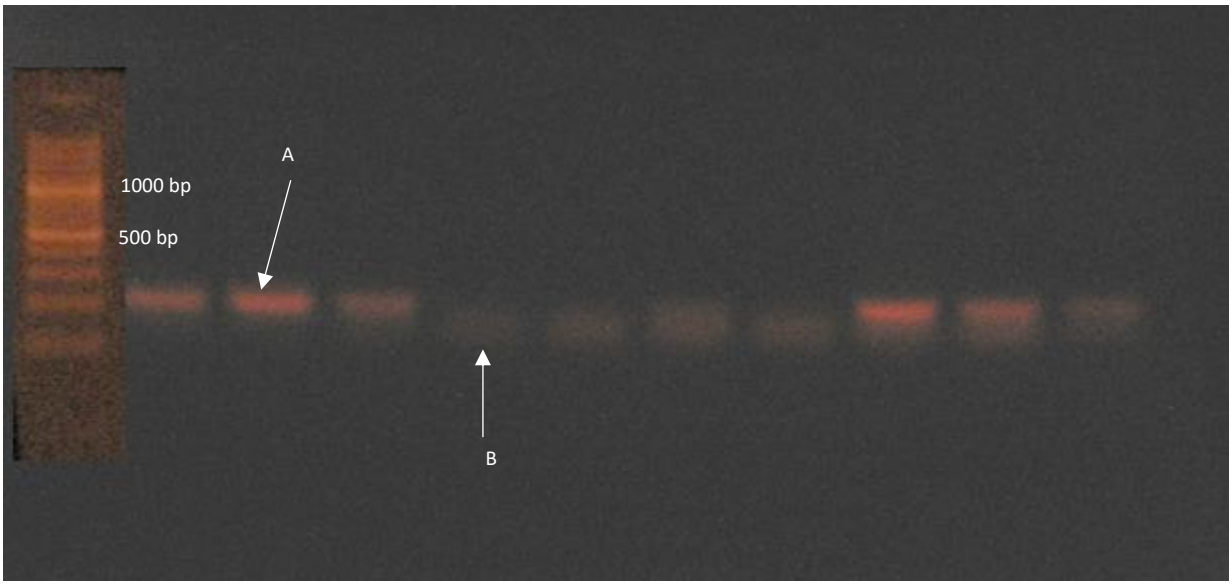
الجدول (18): أهم نقاط المقارنة بين التقنيتين:

المؤشر المدروس	**ISSR**	**SSR**
عدد البادئات المستخدمة	**21**	**23**
عدد البادئات التي أثبتت فعاليتها	**18**	**22**
النسبة المئوية للبادئات التي أثبتت فعاليتها (%)	**81.82**	**91**
عدد الحزم الكلية	**110**	**37**
عدد الحزم المتباينة شكلياً	**102**	**37**
نسبة التعددية الشكلية (%)	**92.72**	**100**
معامل PIC	**0.215**	**0.425**
مجموع الحزم الكلية للبادئات	**328**	**177**
عدد الحزم الفريدة الكلية	**41**	**8**
عدد الحزم الفريدة الموجودة	**41**	**7**

4-4 تحديد الأنماط الشكلية لمورثة عدم التوافق الذاتيS ودراسة القرائن في الأصناف المدروسة:

تمت دراسة 23 زوجاً من بادئات قرائن مورثة عدم التوافق الذاتي S ، أعطت جميعها نواتج تضخيم عدا القرينين (Sk، Sp)، وأظهرت دراسة تقييم التباين لقرائن عدم التوافق الذاتي اختلافاً واضحاً في ظهور هذه القرائن بين الأصناف الوراثية المدروسة، حيث كانت التباينات الشكلية في الحجم بين قرائن الموقع الواحد كبيرة أحياناً، بينما كانت على درجة عالية من التماثل في البعض الآخر، وأمكن تمييزها بسهولة على هلامة ميتافور آغاروز 4%. (الشكل8).

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10



الشكل (8) نواتج تضخيم القرين S36 مع الأصناف المدروسة

حيث M: 1kb ladder، 1: *P. communis*، 2: كوشيا أحمر، 3: غراند شامبيون، 4: مسكاوي، 5: مصطفى بك، 6: بارتلت أحمر، 7: كوشيا، 8: *P. syriaca*، 9: بارتلت، 10: كوميس.

أظهرت النتائج من خلال الجدول (19) تفوق القرينS11 بعدد الأنماط الشكلية حيث أعطى 16 نمطاً شكلياً مع كافة الأصناف المدروسة، تلاه كل من القرينين S36 وS5 بـ 14 نمطاً شكلياً، في حين أعطى القرين Sd أقل عدد من الأنماط الشكلية والبالغ نمطاً شكلياً واحداً فقط مع الأصناف الوراثية المدروسة.

كما أظهرت النتائج أيضاً تفوق الأصل *P. syriaca* بعدد الأنماط الوراثية الكلية التي أعطاها والبالغة 26 نمطاً شكلياً، تلاه كل من الصنف بارتلت بـ 22 نمطاً شكلياً كلياً، من ثم الأصناف الوراثية كوشيا أحمر، *P. communis* وكوميس بـ20 نمطاً شكلياً، في حين أعطى الصنف مصطفى بك أقل عدد من الأنماط الشكلية والبالغ 7أنماط شكلية فقط.

جدول (19) الأنماط الشكلية الكلية للقرائن مع الأصناف المدروسة.

	P. communis	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس	المجموع
S8	A	A	A	A	----	A	----	A	A	A	8
S7	A	A	----	----	----	A	A	A	A	A	7
Sd	----	A	----	----	----	----	----	----	----	----	1
Se	A	A	A	A	----	A	----	A	A	A	8
Sr	A	----	A	----	----	----	----	A	A	----	4
Ss	----	----	----	----	----	----	----	A	A	A	3
Sg	----	A	A	----	----	A	----	A	A	A	6
Sc	A	A	A	A	----	A	B	AB	A	A	10
Sh	A	A	A	A	----	A	B	A	A	A	9
St	B	B	----	B	----	B	----	AB	B	B	8
Sm	A	A	AB	A	B	B	B	AB	B	AB	13
SiSn	----	----	----	----	----	----	----	A	B	A	3
Sq	A	A	AB	B	B	A	B	A	A	A	11
S19	A	A	----	B	B	B	B	B	B	----	8
S36	A	A	AB	B	B	AB	B	AB	AB	A	14
S2	A	A	B	B	B	A	B	A	A	A	10
S5	AB	AB	AB	B	B	A	B	AB	A	A	14
S4	AB	AB	A	----	----	A	----	----	B	A	8
S6	B	B	B	----	----	B	----	AB	B	B	8
Sb	C	C	C	----	----	B	----	A	A	A	7
S11	BC	C	C	BC	C	BC	C	AB	BC	BC	16
المجموع	20	20	19	13	7	19	10	26	22	20	176

وأظهر تفاعل الـPCR بالنسبة للقرين S8 وجود نمط شكلي واحد (A) غاب عند كل من الأصناف الوراثية مصطفى بك وكوشيا فقط، مما يعني توافقهما ذاتياً وقدرتهما على تلقيح بعضها البعض وتلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين S8، ووجد عند بقية الأصناف بطول 120 bp. مما يعني أن هذه الأصناف غير متوافقة ذاتياً وغير متوافقة بالنسبة لبعضها البعض بالنسبة للقرين S8،ويوضح الجدول (20) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S8:

الجدول (20) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S8

S8	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

في حين أظهر تفاعل الـPCR بالنسبة للقرينS7 وجود نمط شكلي واحد (A)غاب عند كل من الاصناف الوراثية غراند شامبيون، مسكاوي ومصطفى بك فقط، مما يعني أن هذه الأصناف قادرة على تلقيح ذاتها وتلقيح بعضها البعض وقادرة على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين S7، ووجد عند بقية الأصناف

بطول 130 bp في حين أنها وجدت عند بقية الأصناف الوراثية مما يعني أن هذه الأصناف غير متوافقة ذاتياً وغير متوافقة بالنسبة لبعضها البعض بالنسبة للقرين S7. ويوضح الجدول (21) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S7

الجدول (21) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S7

القرين S7	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

أعطى القرين Sd نمطاً شكلياً واحداً (A)عند الصنف كوشيا أحمر فقط بطول 100 bp، بشكل متخالف مع Takasaki وزملاؤه (2006)، حيث حصلوا على القرين بطول 369 bp. مما يعني عدم توافقه ذاتياً بالنسبة للقرين Sd، وقدرته على تلقيح بقية الأصناف المدروسة التي لم تظهر أي نمط شكلي بالنسبة لهذا القرين فهي بالتالي متوافقة ذاتياً، وقادرة على تلقيح بعضها بعضاً. ويوضح الجدول (22) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Sd:

الجدول (22) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sd

Sd	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

و أظهر تفاعل الـPCR بالنسبة للقرين Se وجود نمط شكلي واحد (A) بطول 100 bp، مما يتخالف مع Takasaki وزملاؤه (2006) حيث كان طول هذا القرين (998 bp). غاب عند كل من الأصناف مصطفى بك وكوشيا فقط، مما يعني أن هذه الأصناف قادرة على تلقيح ذاتها وتلقيح بعضها البعض وقادرة على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين Se، ووجد عند بقية الأصناف المدروسة، مما يعني أن هذه الأصناف عقيمة ذاتياً وعقيمة بالنسبة لبعضها البعض بالنسبة للقرين Se. ويوضح الجدول (23) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Se:

الجدول (23) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Se

القرين Se	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

أعطى القرين Sr نمطاً شكلياً واحداً(A) بطول 60 bp، بشكل متخالف مع Takasaki وزملاؤه (2006) حيث كان الطول لهذا القرين 353 bp، غاب عند كل من الأصناف الوراثية كوشيا أحمر، مسكاوي، مصطفى بك، بارتلت أحمر، كوشيا و كوميس. مما يعني أن هذه الأصناف قادرة على تلقيح ذاتها وتلقيح بعضها البعض وقادرة على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين Sr، في حين وجدت عند بقية الأصناف الوراثية مما يعني أن هذه الأصناف غير متوافقة ذاتياً وغير متوافقة بالنسبة لبعضها البعض بالنسبة للقرين Sr. ويوضح الجدول (24) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Sr:

الجدول (24) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sr

Sr	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
بارتلت	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين Ss نمطاً شكلياً واحداً (A) بطول 120 bp بشكل متخالف مع Moriya وزملاؤه (2007)، حيث كان الطول 367 bp. غاب عند كل من الأصناف كوشيا أحمر، *P. communis*، مسكاوي، مصطفى بك، بارتلت أحمر، كوشيا، مما يعني أن هذه الأصناف قادرة على تلقيح ذاتها وتلقيح بعضها البعض وقادرة على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين Ss، ووجد عند بقية الأصناف، مما يعني أن هذه الأصناف عقيمة ذاتياً وعقيمة بالنسبة لبعضها البعض بالنسبة للقرين Ss. ويوضح الجدول (25) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Ss:

الجدول (25) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Ss

Ss	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

أعطى القرين Sg نمطاً شكلياً واحداً (A) عند كل من الأصناف كوشيا أحمر، غراند شامبيون، بارتلت أحمر، *P. syriaca*، بارتلت، كوميس، بطول 230 bp، بشكل متخالف مع Moriya وزملاؤه (2007)، حيث كان الطول 1906 bp. مما يعني أن هذه الأصناف غير متوافقة ذاتياً وغير قادرة على تلقيح بعضها البعض وتلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين Sg. وغاب عن بقية الأصناف المدروسة، مما يعني أن هذه الأصناف قادرة على تلقيح ذاتها وتلقيح بعضها البعض وتلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين Sg. ويوضح الجدول (26) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Sg:

الجدول (26) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sg

Sg	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

أعطى القرين Sc نمطين شكليين (A,B) ظهرت مجتمعة عند الأصل *P. syriaca* ، مما يتخالف مع Moriya وزملاؤه (2007)، حيث أعطى هذا القرين حزمة واحدة فقط بطول 334 bp، مما يعني أنه غير متوافق ذاتياً وغير متوافق بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة عدا الصنف مصطفى بك حيث أنها لم تظهر عند هذا الصنف مما يعني قدرته على تلقيح ذاته وتلقيح بقية الطرز المدروسة بالنسبة للقرين Sc، امتلكت بقية الأصناف المدروسة نمطاً شكلياً واحداً فقط، حيث امتلك الصنفان كوشيا والأصل *P. syriaca* نمطاً شكلياً واحداً B بطول 70 bp، مما يعني عدم قدرتهما على التلاقح مع بعضهما بالنسبة للقرين Sc إضافة إلى عدم توافقهما الذاتي، وقدرتهما على تلقيح بقية الطرز المدروسة بالنسبة لهذا القرين الحزمة B، أما بقية هذه الأصناف فهي تمتلك نمطاً شكلياً واحداً وبنفس الطول A بطول 100 bp. مما يعني عدم توافقها ذاتياً بالنسبة للقرين Sc، وعدم توافقها مع بعضها البعض بالنسبة للقرين Sc

كونها تمتلك نمطاً شكلياً واحداً وبنفس الوزن الجزيئي A.ويوضح الجدولان (27، 28) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Sc الحزمة A والحزمة B:

الجدول (27) جدول التوافق بالتلقيح بين الطرز المدروسة وفقاً للقرين Sc الحزمة A

Sc/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (28) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sc الحزمة B

Sc/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين Sh نمطين شكليين (A,B) لم يظهر أي منها عند الصنف مصطفى بك، مما يعني قدرته على تلقيح ذاته وتلقيح بقية الطرز المدروسة بالنسبة للقرين Sh، وامتلكت بقية الأصناف المدروسة نمطاً شكلياً واحداً A فقط بطول 200 bp، مما يعني عدم توافقها ذاتياً وعدم توافقها بالنسبة لبعضها البعض. في حين امتلك الصنف كوشيا نمطاً شكلياً واحداً عند المستوى B بطول 120 bp. أعطى القرين Sh نمطين شكليين (A,B)، لم تظهر أي منهاعند الصنف مصطفى بك امتلكت بقية الأصناف المدروسة عدا الصنف كوشيا نمطاً شكلياً واحداً فقط A، مما يعني عدم توافقه الذاتي وقدرته على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة لهذا القرين ويوضح الجدولان (29، 30) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Sh الحزمة A والحزمة B:

الجدول (29) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sh الحزمة A

Sh /A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (30) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sh الحزمة B

Sh /B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين St نمطين شكليين (A,B) ظهرت مجتمعة عند الأصل *P. syriaca*، مما يعني أنه غير متوافق ذاتياً وغير متوافق بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة، في حين أنها لم تظهر عند الأصناف غراند شامبيون، مصطفى بك وكوشيا، بالنسبة للقرين St النمط A بطول 200 bp، مما يعني قدرتها على تلقيح ذاتها وتلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين St النمط A. في حين أن الأصناف *P.* communis، كوشيا أحمر، غراند شامبيون، مسكاوي، بارتلت أحمر، *P.* syriaca، بارتلت، وكوميس فقد امتلكت نمطاً شكلياً واحداً B بطول 100 bp وبالتالي فهي عقيمة ذاتياً وعقيمة مع بعضها البعض بالنسبة للقرين St كونها تمتلك نمطاً شكلياً واحداً وبنفس الوزن الجزيئي B. ويوضح الجدولان (31، 32) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين St الحزمة A والحزمة B:

الجدول (31) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين St الحزمة A

St /A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (32) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين St الحزمة B

St /B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

أعطى القرين Sm نمطين شكليين (A,B)، ظهرت مجتمعة عند الأصناف غراند شامبيون، *P. syriaca* وكوميس، مما يعني أنها غير متوافقة ذاتياً وغير متوافقة بالنسبة لبعضها البعض وغير متوافقة بالنسبة لبقية الطرز المدروسة بالنسبة للقرين Sm، وامتلكت الأصناف كوشيا أحمر، *P communis* ومسكاوي نمطاً شكلياً واحداً على المستوى A لوحده مع الأصناف غراند شامبيون، *P. syriaca* وكوميس بطول 100 bp، مما يعني عدم توافقها ذاتياً بالنسبة للقرين Sm وعدم توافقها مع بعضها البعض، أما بقية هذه الأصناف (مصطفى بك، بارتلت أحمر، كوشيا، بارتلت) فقد امتلكت نمطاً شكلياً واحداً B بطول 80 bp مما يعني عدم قدرتها على التلاقح ذاتياً وفيما بينها ومع الطرز المذكورة بالنسبة للقرين Sm، وقدرتها على تلقيح بقية الطرز المدروسة بالنسبة لهذا القرين. ويوضح الجدولان (33، 34) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Sm الحزمة A والحزمة B:

الجدول (33) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sm الحزمة A

Sm /A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق

الجدول (34) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sm الحزمة B

Sm /B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

أعطى القرين SiSn نمطين شكليين (A,B)، حيث امتلكت الأصناف *P. syriaca* وكوميس نمطاً شكلياً واحداً على المستوى A بطول 110 bp، مما يعني عدم قدرتها على التلاقح ذاتياً وفيما بينها وقدرتها على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين SiSn الحزمة A. أما الصنف بارتلت فقد امتلك لوحده نمطاً شكلياً

واحداً B بطول 69 bp. ، مما يعني عدم توافقه ذاتياً وقدرته على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين SiSn، أما بقية الأصناف فلم تمتلك أي نمط شكلي مما يعني توافقها ذاتياً وقدرتها على تلقيح بقية الأصناف المدروسة. ويوضح الجدولان (35، 36) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين SiSn الحزمة A والحزمة B:

الجدول (35) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين SiSn الحزمة A

SiSn/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شاميون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شاميون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق

الجدول (36) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين SiSn الحزمة B

SiSn/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شاميون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شاميون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين Sq نمطين شكليين (A,B)، وامتلك الصنف غراند شامبيون النمطين الشكليين معاً، مما يعني عدم قدرته على تلقيح نفسه أو تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين Sq، أما الأصناف كوشيا أحمر

وبارتلت أحمر و*P. syriaca* وبارتلت وكوميس فقد امتلكت نمطاً شكلياً واحداً على المستوى A بطول 150 bp، مما يعني عدم قدرتها على التلاقح ذاتياً وفيما بينها وقدرتها على تلقيح بقية الطرز المدروسة عدا غراند شامبيون بالنسبة للقرين Sq الحزمة A. أما الأصناف *P. communis*، مسكاوي، مصطفى بك، كوشيا فقد امتلكت النمط الشكلي B بطول 100 bp، مما يعني عدم توافقها ذاتياً عدم توافقها بعضها بعضاً وقدرتها على تلقيح بقية الطرز الوراثية عدا غراند شامبيون بالنسبة للقرين Sq الحزمة B. يوضح الجدولان (37، 38) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Sq الحزمة A والحزمة B:

الجدول (37) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sq الحزمة A

Sq/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (38) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sq الحزمة B

Sq/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين S19 نمطين شكليين (A,B) حيث لم يمتلك الصنفان غراند شامبيون وكوميس أياً من النمطين الشكليين مما يعني قدرتها على تلقيح نفسها وتلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرينS19، أما الأصناف كوشيا أحمر، *P. communis* فقد امتلكت نمطاً شكلياً واحداً على المستوى A بطول 120 bp مما يعني عدم قدرتها على التلاقح ذاتياً وفيما بينها وقدرتها على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين S19 الحزمة A، أما بقية الأصناف فقد امتلكت النمط الشكلي B بطول 80 bp، مما يعني أنها عقيمة ذاتياً وغير قادرة على تلقيح بعضها بعضاً وقدرتها على تلقيح بقية الأصناف الوراثية بالنسبة للقرين S19 الحزمة B. يوضح الجدولان (39، 40) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S19 الحزمة A والحزمة B:

الجدول (39) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S19 الحزمة A

S19/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

الجدول (40) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S19 الحزمة B

S19/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين S36 نمطين شكليين (A,B) حيث امتلكت الأصناف غراند شامبيون، بارتلت أحمر، *P. syriaca* وبارتلت النمطين الشكليين معاً مما يعني عدم قدرتها على تلقيح نفسها أو تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين S36، أما الأصناف كوشيا أحمر، *P. communis* وكوميس فقد امتلكت نمطاً شكلياً واحداً على المستوى A بطول 200 bp، مما يعني عدم قدرتها على التلاقح ذاتياً وفيما بينها و قدرتها على تلقيح بقية الأصناف المدروسة عدا الأصناف المذكورة سابقاً بالنسبة للقرين S36 الحزمة A. في حين احتوت الأصناف (مسكاوي، مصطفى بك، كوشيا) على الحزمة B من القرين S36 بطول 150 bp، مما يعني عقمها ذاتياً، وعقمها بالنسبة لبعضها البعض، وخصوبتها بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة التي لم تحتوي على هذه الحزمة. يوضح الجدولان (41، 42)التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S36 الحزمة A والحزمة B:

الجدول (41) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S36 الحزمة A

S36/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (42) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S36 الحزمة B

S36/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين S2 نمطين شكليين (A,B)، حيث امتلكت الأصناف كوشيا أحمر، *P. communis* بارتلت أحمر، *P. syriaca* وبارتلت وكوميس نمطاً شكلياً واحداً على المستوى A بطول 200 bp، مما يعني عدم قدرتها على التلاقح ذاتياً وفيما بينها وقدرتها على تلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين S2 الحزمة A. أما الأصناف غراند شامبيون، مسكاوي، مصطفى بك، كوشيا فقد امتلكت النمط الشكلي B بطول110 bp، مما يعني أنها غير متوافقة ذاتياً وغير قادرة على تلقيح بعضها بعضاً وقدرتها على تلقيح بقية الأصناف الوراثية بالنسبة للقرين S2. يوضح الجدولان (43، 44) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S2 الحزمة A والحزمة B:

الجدول (43) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S2 الحزمة A

21/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (44) جدول التوافق بالتلقيح بين الطرز المدروسة وفقاً للقرين S2 الحزمة B

21/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين S5 نمطين شكليين (A,B) حيث امتلكت الأصناف كوشيا أحمر، *P. communis*، غراند شامبيون، *P. syriaca* النمطين الشكليين معاً مما يعني عدم قدرتها على تلقيح نفسها وتلقيح بقية الأصناف المدروسة بالنسبة للقرين S5، أما الأصناف بارتلت أحمر وبارتلت وكوميس فقد امتلكت نمطاً شكلياً واحداً على المستوى A بطول 250 bp، مما يعني عدم قدرتها على التلاقح ذاتياً وفيما بينها وقدرتها على تلقيح بقية الأصناف المدروسة عدا الأصناف المذكورة آنفاً. أما الأصناف مسكاوي، مصطفى بك، كوشيا فقد امتلكت النمط الشكلي B بطول 150 bp، مما يعني أنها غير متوافقة ذاتياً وغير قادرة على تلقيح بعضها بعضاً أو تلقيح بقية الطرز الوراثية وقدرتها على تلقيح بارتلت وبارتلت أحمر بالنسبة للقرين S5 الحزمة B. يوضح الجدولان (45، 46) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S5 الحزمة A والحزمة B:

الجدول (45) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S5 الحزمة A

S5/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (46) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S5 الحزمة B

S5/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين S4 نمطين شكليين (A,B)، لم يظهر أي منها عند الأصناف (مسكاوي، مصطفى بك، كوشيا و *P. syriaca*)، مما يعني توافقها ذاتياً، وتوافقها بالنسبة لبعضها البعض، وتوافقها بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة. في حين امتلكت الأصناف *P. communis* و كوشيا أحمر النمطين الشكليين مجتمعين، مما يعني عدم توافقهما ذاتياً، وعدم توافقهما بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة عدا الأصناف المذكورة آنفاً، وامتلكت الأصناف (غراند شامبيون، بارتلت أحمر، كوميس) نمطاً شكلياً واحداً على المستوى A بطول 200 bp، مما يعني عدم توافقها ذاتياً وعدم توافقها بالنسبة للصنفين (*P.* communis، كوشيا أحمر)، وتوافقها بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة، في حين امتلك الصنف بارتلت نمطاً شكلياً واحداً على المستوى B بطول 160 bp، مما يعني عدم توافقه ذاتياً، وعدم توافقه

بالنسبة للصنفين (*P.* communis، كوشيا أحمر)، وخصوبته بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة. ويوضح الجدولان (47، 48) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S4 الحزمة A والحزمة B:

الجدول (47) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S4 الحزمة A

S4/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق

الجدول (48) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S4 الحزمة B

S4/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين S6 نمطين شكليين (A,B)، ظهرا مجتمعين عند النوع *P.* syriaca، مما يعني عدم توافقه ذاتياً، وتوافقه بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة حيث أنها لم تحتوي على هذه الحزمة. ولم يظهر أي منها عند الأصناف

(مسكاوي، مصطفى بك، كوشيا)، مما يعني توافقها ذاتياً، وتوافقها بالنسبة لبعضها البعض، وتوافقها بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة. وامتلك النوع *P.* syriaca النمط الشكلي S6 على المستوى A بطول 550 bp، وامتلكت الأصناف (*P.* communis، كوشيا أحمر، غراند شامبيون، بارتلت أحمر، *P. syriaca*، بارتلت، كوميس) نمطاً شكلياً على المستوى B بطول 170 bp، مما يعني عدم توافقها ذاتياً، وعدم توافقها بالنسبة لبعضها البعض، وتوافقها بالنسبة لبقية الأصناف المدروسة. ويوضح الجدولان (49، 50) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S6 الحزمة A والحزمة B:

الجدول (49) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S6 الحزمة A

S6/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

الجدول (50) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S6 الحزمة B

S6/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

أعطى القرين Sb ثلاثة أنماط شكلية (A,B,C)، لم يظهر أي منها عند الأصناف مسكاوي، مصطفى بك وكوشيا، في حين امتلكت بقية الأصناف المدروسة نمطاً شكلياً واحداً فقط، حيث امتلكت الأصناف كوشيا أحمر، *P. communis* وغراند شامبيون نمطاً شكلياً واحداً عند المستوى C بطول 170 bp، مما يعني عدم قدرتها على التلاقح فيما بينها بالنسبة للقرين Sb المستوى C إضافة إلى عدم توافقها الذاتي. أما الصنف بارتلت أحمر فقد امتلك لوحده النمط الشكلي B بطول 210 bp، مما يعني عدم توافقه الذاتي وقدرته على تلقيح بقية الأصناف بالنسبة للقرين Sb، أما الأصناف (*P.* syriaca، بارتلت، كوميس) فقد امتلكت نمطاً شكلياً واحداً A بطول 250 bp. وبالتالي فهي غير متوافقة ذاتياً وغير متوافقة مع بعضها البعض بالنسبة للقرين Sb كونها تمتلك نمطاً شكلياً واحداً وبنفس الوزن الجزيئي A. وتوضح الجداول (51، 52، 53) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين Sb الحزمة A والحزمة B والحزمة C:

الجدول (51) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sb الحزمة A

Sb/ A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (52) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sb الحزمة B

Sb/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

الجدول (53) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين Sb الحزمة C

Sb/ C	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

أعطى القرين S11 ثلاثة أنماط شكلية (A,B,C)، ظهر النمط الشكلي A عند النوع *P. syriaca* فقط بطول 500 bp في حين لم يظهر عند بقية الأصناف الوراثية، مما يعني عدم توافقه ذاتياً وتوافقه بالنسبة لبقية الأصناف عند المستوى A. أما النمط الشكلي B فقد ظهر بطول 300 bp في الأصناف *P. communis*، مسكاوي، بارتلت أحمر، *P. syriaca* ، بارتلت وكوميس مجتمعاً مع النمط الشكلي C، ومجتمعاً مع النمط الشكلي A عند النوع *P. syriaca* ، مما يعني عدم توافقها ذاتياً وعدم توافقها بالنسبة لبعضها البعض، وتوافقه بالنسبة لبقية الأصناف عند المستوى B. أما النمط الشكلي C فقد غاب عن النوع *P. syriaca* لوحده بطول 200 bp، ما يعني أن جميع الأصناف المذكورة غير متوافقة ذاتياً وغير قادرة على تلقيح بعضها بعضاً بالنسبة للقرين S11 الحزمة C. وتوضح الجداول(54، 55، 56) التوافق بين الأصناف المدروسة اعتماداً على القرين S11 الحزمة A والحزمة B والحزمة C:

الجدول (54) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S11 الحزمة A

S11 /A	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
كوميس	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق

الجدول (55) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S11 الحزمة B

S11/ B	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
غراند شامبيون	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
مسكاوي	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
P. Syriaca	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق

الجدول (56) جدول التوافق بالتلقيح بين الأصناف المدروسة وفقاً للقرين S11 الحزمة C

S11/ C	*P. communis*	كوشيا أحمر	غراند شامبيون	مسكاوي	مصطفى بك	بارتلت أحمر	كوشيا	*P. Syriaca*	بارتلت	كوميس
P. communis	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
غراند شامبيون	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مسكاوي	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
مصطفى بك	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
بارتلت أحمر	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوشيا	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
P. Syriaca	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق	متوافق
بارتلت	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق
كوميس	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	غير متوافق	متوافق	غير متوافق	غير متوافق

وبالمقارنة مع دراسة درجة القرابة باستخدام بادئات قرائن المورثة S فقد انفصلت الأصناف ذات القرائن الأقل والقدرة الأعلى على التلقيح (مصطفى بك، كوشيا، مسكاوي) في عنقود واحد بعيداً عن بقية الأصناف التي كان احتواؤها على القرائن أعلى وقدرتها على التلقيح الأقل.

كما يلاحظ من الجدول السابق انقسام الأصناف المدروسة إلى ثلاثة أقسام رئيسية يلاحظ في الأول ارتفاع عدد القرائن التابعة لمورثة العقم الذاتي S وخاصة في النوع *P. syriaca* (19 نمطاً شكلياً)، والأصناف بارتلت (20 نمطاً شكلياً)، كوميس، كوشيا أحمر (18 نمطاً شكلياً). مما يعني انخفاض قدرتها على تلقيح ذاتها أو تلقيح بقية الأصناف المدروسة، وبالتالي لاينصح باستخدام هذه الأصناف كملقحات لبقية الأصناف التجارية.

القسم الثاني يضم الأصناف متوسطة المحتوى من الأنماط الشكلية وهي النوع *P. communis* وبارتلت أحمر (17 نمطاً شكلياً)، غراند شامبيون (16 نمطاً شكلياً).

أما القسم الثالث فيضم الأصناف مصطفى بك (7 أنماط شكلية)، كوشيا (10 أنماط شكلية) ومسكاوي (12 نمطاً شكلياً) والتي أعطت أقل عدد من القرائن التابعة لمورثة العقم الذاتي S وبالتالي إمكانية عالية على تلقيح نفسها

وتلقيح بقية الأصناف، لذا فإن هذه الأصناف ستكون خياراً جيداً لمنتج الإجاص لاختيارها كملقح للأصناف التجارية المختلفة. جدول (57)

جدول (57) الأنماط الشكلية الكلية للأصناف المدروسة مع القرائن.

الطرز	النمط القريني لكل طراز	المجموع
P. communis	S8+S7+Sc+Se+Sh+St+Sm+Sr+Sb+Sq+S19+S36+S2+S11+S4+S6	17
كوشيا أحمر	S8+S7+Sc+Sd+Se+Sh+St+Sm+Sg+Sb+Sq+S19+S36+S2+S5+S11+S4+S6	18
غراند شامبيون	S8+ Sc+ Se+ Sh+ Sm+ Sr+ Sg+ Sb+ Sq+ S36+ S2+ S5+ S11+ S4 + S6	16
مسكاوي	S8+Sc+Se+Sh+St+Sm+Sq+S19+S36+S2+S5+S11	12
مصطفى بك	Sm+Sq+S19+S36+S2+S5+S11	7
بارتلت أحمر	S8+S7+Sc+Se+Sh+St+Sm+Sg+Sb+Sq+S19+S36+S2+S5+S11+S4+S6	17
كوشيا	S7+Sc+Sh+Sm+Sq+S19+S36+S2+S5+S11	10
P. Syriaca	S8+S7+Sc+Se+Sh+St+Sm+Sr+Ss+SiSn+Sg+Sb+Sq+S19+S36+S2+S5+S11+S6	19
بارتلت	S8+S7+Sc+Se+Sh+St+Sm+Sr+Ss+SiSn+Sg+Sb+Sq+S19+S36+S2+S5+ S11+S4+S6	20
كوميس	S8+S7+Sc+Se+Sh+St+Sm+Ss+SiSn+Sg+Sb+Sq+S36+S2+S5+S11+S4+S6	18

4-5 تصنيف القرائن الناتجة:

كان هناك عدة أنواع من القرائن الناتجة كما هو موضح بالجدول (58):

1. قرين صامت Null Allele: وهو قرين غير ظاهر لعدم حدوث تفاعل للموقع الوراثي المدروس.
2. قرين تخصصي Specific Allele: وهو القرين الذي ظهر لمرة واحدة ضمن صنف واحد فهو قرين واسم للصنف.
3. قرين نادر Rare Allele: وهو القرين الذي كانت نسبة تكراره أقل من 5%.
4. قرين متكرر Frequent Allele: وهو القرين الذي تراوحت نسبة تكراره من 5-10%
5. قرين شائع Common Allele: وهو القرين الذي كانت نسبة تكراره أعلى من 10%.
6. قرين ثنائي Double Allele: ظهور قرينين لكل صنف عوضاً عن قرين واحد.
7. قرين ثلاثي Triple Allele: ظهور ثلاثة قرائن لكل صنف عوضاً عن قرين واحد. (اشتر وزملاؤه.، 2007).

ظهر القرين الصامت لكل من القرينين Sp، Sk، وعلى الرغم من أن كل من القرائن (Sc، Sh، St، Sm، SiSn، Sq، S19، S36، S2، S5، S4، S6) قد أعطت مستويين، إلا أن أي منها لم يكن قريناً ثنائيا لأن أي منها لم يتواجد بكل صنف، وبطريقة مماثلة فإن كل من القرينين Sb و S11 وعلى الرغم من أنه أعطى ثلاث مستويات، إلا أن أي منها لم يتواجد بكل صنف.

وظهر القرين التخصصي بنسبة جيدة ضمن هذه الدراسة، ويلعب دوراً في التنوع الوراثي لهذه القرائن (الجدول 58).

جدول (58): تصنيفات القرائن (القرين الوحيد، النادر، المتكرر، الشائع، الصامت) حسب تواجدها ضمن الأصناف المدروسة والنسبة المئوية لتكرار كل منها.

القرائن	القرين الوحيد %1	القرين النادر % 5-2	القرين المتكرر %10-6	القرين الشائع % 10 <	القرين الصامت
Sk	0	0	0	0	1
Sp	0	0	0	0	1
S8	0	0	0	1	0
S7	0	0	0	1	0
Sd	1	0	0	0	0
Se	0	0	0	1	0
Sr	0	0	1	0	0
Ss	0	0	0	1	0
Sg	0	0	0	1	0
Sc/A	0	0	0	1	0
Sc/ B	0	1	0	0	0
Sh/ A	0	0	0	1	0
Sh/ B	1	0	0	0	0
St/ A	1	0	0	0	0
St/ B	0	0	0	1	0
Sm/ A	0	0	0	1	0
Sm/ B	0	0	0	1	0
SiSn/ A	0	1	0	0	0
SiSn/ B	1	0	0	0	0
Sq/ A	0	0	0	1	0
Sq/ B	0	0	0	1	0
S19/ A	0	1	0	0	0

0	1	0	0	0	S19/ B
0	1	0	0	0	S36/ A
0	1	0	0	0	S36/ B
0	1	0	0	0	S2/ A
0	1	0	0	0	S2/ B
0	1	0	0	0	S5/ A
0	1	0	0	0	S5/ B
0	1	0	0	0	S4/ A
0	0	1	0	0	S4/ B
0	0	0	0	1	S6/ A
0	1	0	0	0	S6/ B
0	0	1	0	0	Sb/A
0	0	0	0	1	Sb/ B
0	0	1	0	0	Sb/ C
0	0	0	0	1	S11/ A
0	1	0	0	0	S11/ B
0	1	0	0	0	S11/ C
5	58	10	7	17	النسبة المئوية %

الفصل الخامس: الاستنتاجات والمقترحات

Concolusions and Recommendations

1-5 الاستنتاجات: Concolusions

1. تم استخدام 22 بادئاً من بادئات ISSR أعطى 18 منها نواتج تضخيم، وأعطت هذه البادئات ما مجموعه 110 حزمة كلية، وبلغت النسبة المئوية للتعددية الشكلية .92.73%، وكان متوسط معامل PIC 0.215.
2. باستخدام تقنيةISSR كانت القرابة الوراثية عالية بين الأصناف ذات القشرة الحمراء (بارتلت أحمر وكوشيا أحمر) الأقرب لبعضها البعض، تلاهما *P. Communis* ومصطفى بك، إضافة إلى وجود قرابة عالية بين *P. Syriaca* وبارتلت.
3. تم استخدام 23 زوجاً من بادئات SSR أعطى 21 منها نواتج تضخيم، وأعطت هذه الأزواج من البادئات ما مجموعه 37 قريناً كلياً، وبلغت النسبة المئوية للتعددية الشكلية 100%، وكان متوسط معامل PIC 0.425.
4. اعتماداً على تحليل القرابة الوراثية باستخدام تقنية SSR كان الصنفان مصطفى بك وكوشيا هما الأقرب لبعضهما البعض، تلاهما *P. Communis* كوشيا أحمر، والصنفان بارتلت وبارتلت أحمر.
5. كان الصنف بارتلت الأعلى من حيث احتواءه على القرينات المدروسة لمورثة العقم الذاتي S حيث احتوى على 20 قرين من أصل 22.
6. احتوى الأصل *P. Syriaca* على أكبر عدد من الحزم نتيجة المعاملة مع القرائن المدروسة وأعطى 26 حزمة، وبالتالي يمكن استخدامه كأب لصفة عدم التوافق الذاتي في عمليات التربية.
7. احتوى الصنف مصطفى بك على أقل عدد من القرائن المدروسة وأقل عدد من الحزم الناتجة عن المعاملة مع القرائن المدروسة، مما يمكن اعتباره كملقح عام للأصناف المدروسة، تلاه الصنف كوشيا.
8. أعطى القرين Sd أقل عدد من الحزم مع الأصناف المدروسة حيث أعطى حزمة واحدة فقط، في حين أعطى القرينS11 أكبر عدد من الحزم مع الأصناف المدروسة وأعطى 16 حزمة.
9. أعطت القرائن المدروسة ما مجموعه 176 حزمة مع الأصناف المدروسة من الإجاص.

2-5 التوصيات والمقترحات:Recommendations

- اعتماد الصنف مصطفى بك لزراعته كملقح عام للأصناف المدروسة كونه احتوى أقل عدد من القرائن المدروسة.

- توسيع الدراسة لتشمل أصنافاً وأنواعاً أخرى من الإجاص والمتواجدة في القطر العربي السوري.

- تحديد التسلسل النكليوتيدي للقرائن المختلفة ضمن الطرز الوراثية للإجاص.

- التوسع في دراسة ظواهر أخرى وراثياً لما لهذه التقانة من القدرة على الحسم والتمييز بين العينات المختلفة.

الملحق:Appendix

الأوزان الجزيئية للمواد المستخدمة:

58.44 :Nacl

121.14:Tris

372.44 :EDTA

Nacl: 1 مول/ل

Tris: 1 مول/ل

كحول إيتيلي 95.5% 250 مل

EDTA: 250 مل

SDS: 200 مل (10 غ)

مكونات محلول TBE 1ليتر:

Tris: 108 غ

Acid Borique: 55 غ

EDTA: 9.3 غ PH = 8

مكونات Master mix

dNTPs: 400m µ

2X:Buffer

Taq polymerase: 0.2 u

Mgcl2: 3 µm

الأوزان الجزيئية للمواد المستخدمة:

58.44 :Nacl

121.14:Tris

372.44 :EDTA

الجدول (59): قراءات المطياف الضوئي عند أطوال موجات 260 و 280 نانومتر وتحديد تركيز ونقاوة عينات الـحمض النووي DNA المستخلصة مقدراً بالميكروغرام/ميكروليتر.

العينات الوراثية	OD 280 / OD 260	تركيز الـ DNA µg/µl
P. communis	1.875	0.29
كوشيا أحمر	1.857	0.31
غراند شامبيون	1.926	0.39
مسكاوي	1.852	0.33
مصطفى بك	1.935	0.35
بارتلت أحمر	1.964	0.41
كوشيا	1.880	0.43
P. syriaca	1.875	0.34
بارتلت	1.821	0.41
كوميس	1.857	0.38

المراجع العربية

1- اشتر، سها، معلا، محمد، مير علي، نزار. (2007). تقييم بعض الطرز الوراثية من الأقماح السورية (السداسية والرباعية) باستخدام معلمات بيوكيميائية وجزيئية مختلفة. جامعة تشرين، كلية الزراعة، قسم المحاصيل الحقلية. رسالة دكتوراه.

2- المجموعة الإحصائية الزراعية السورية (2016). وزارة الزراعة والإصلاح الزراعي. مديرية الإحصاء والتخطيط، قسم الإحصاء.

3- القطب، عدنان. (1974). دراسة أصناف الإجاص المستوردة ونجاحها في سورية. المجلس الأعلى للعلوم، أسبوع العلم الرابع عشر، الكتاب الخامس. 47- 77.

4- حامد، فيصل. التحسين الوراثي. (1990). منشورات جامعة دمشق.

5- حامد، فيصل، العيسى، عماد. (1999). الفاكهة إنتاجها وتخزينها. منشورات جامعة دمشق. 432 صفحة.

6- شاهرلي مخلص، الأوبري خالد. (2004). حفظ المصادر الوراثية للأنواع النباتية في سوريا، مشروع الحفظ والاستخدام المستدام للتنوع الحيوي الزراعي في المناطق الجافة GEF، الهيئة العامة للبحوث العلمية الزراعية، وزارة الزراعة والإصلاح الزراعي.

7- فلوح، عصام.، المعري، خليل.، حداد سهيل. (2008). دراسة توافق التطعيم بين بعض سلالات من الإجاص البري السوري *Pyrus syriaca* BOISS وأربعة من أصناف الإجاص الاقتصادية. مجلة جامعة دمشق للعلوم الزراعية. 29(2): 23-37.

8- محفوض، محمد. (1982). التفاحيات والكرمة. منشورات جامعة تشرين. 294 صفحة.

9- مزهر، بيان. (1998). التنوع الحيوي للمصادر الوراثية لبعض الأشجار المثمرة في جنوب سورية/ درعا- السويداء. رسالة ماجستير في البساتين. جامعة دمشق. ص180.

10- مزهر، بيان.، الحلبي، علا.، نعيم، نسرين.، القاسم، نورس. (2010). تقييم أصناف الإجاص المحلية والمدخلة في السويداء. مجلة جامعة دمشق للعلوم الزراعية. 29(2): 23-37.

11- مزهر، بيان.، الحلبي، علا. (2013). تقييم أصناف الإجاص المحلية والمدخلة في السويداء. وزارة الزراعة والإصلاح الزراعي- مديرية البحوث العلمية الزراعية. قسم بحوث البستنة الشجرية .

المراجع الأجنبية:

1. Adonina, I. G, E.A.Salina, E.G.Pestova and M.S.Röder.2005.Transferability of Wheat Microsatellites to Diploid *Aegilops* Species and Determination of Chromosomal Localizations of Microsatellites in the S Genome. 48:959-970.
2. Ahmed. M., Anjum. M. A., Khan. M. Q., Ahmed. M. J., Pearce S. 2010. Evaluation of genetic diversity in *Pyrus* germplasm native to Azad Jammu and Kashmir (Northern Pakistan) revealed by microsatellite markers. American Journal of Biotechnology. Vol. 9(49): 8323- 8333.
3. Albani M. C. and M. J. Wilkinson 1998**.**Inter simple sequence repeat polymerase chain reaction for the detection of soma-clonal variation. Plant Breed. 117:573-575.
4. Ammiraju, J.S.S., Dholakia, B.B., Santra, D.K., Singh, H., Lagu, M.D., Tamhankar, S.A., Dhaliwal, H.S., Rao, V.S., Gupta, V.S. and Ranjekar, P.K. (2001) Identification of inter simple sequence repeat (ISSR) markers associated withseed size in wheat. Theor. Appl. Genet. 102 726-732.
5. Barrett B.A. and K.K. Kidwell. 1998. Comparison of AFLP and Pedigree-Based Genetic Diversity Assessment Methods Using Wheat Cultivars from the Pacific Northwest. Crop Science. 38: 1271-1278.
6. Bao L, Chen K, Zhang D., Cao Y., Yamamoto T., Teng Y. 2007. Genetic diversity and similarity of pear (*Pyrus* L.) cultivars native to East Asia revealed by SSR (Simple Sequence Repeat) markers. Genet Resour Crop Ev. 54(5):959–971.
7. Baum. M, S. Grando. and S. Ceccarelli. 2004. Localization of quantitative trait loci for dry land characters in barley bylinkagemapping . Crop Science Society of America and American Society of Agronomy , 677 S. Segoa Rd., Madison, WI53711, USA.Challenges and Strategies for DrylandAgriculture. CSSASpecialpublication no. 32.
8. Bell, R.L; Quamme, H. A., Layne, R. E. C; Skirvin, R. M. 1996. Pears. In: Fruit breeding, vol1. Tree and tropical fruits, ed. J. Janick and Moore, J.N. PP. 441-514. New York: John Wiley and Sons.
9. Bell, R.L. and A. Itai. 2011. Pyrus. Biomeedical and life sciences. Wild Crop Relatives Genomic and Breeding Resources.
10. Bell R.L. and Zwet T. 1998. Breeding for Host Resistance to Pear Psylla. Evaluation of Parental Germplasm. Acta Hortic (ISHS). 484: 471- 476.
11. Blair M.W., O.Panaud and S.R. McCouch. 1999. Inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification for analysis of microsatellite motif frequency and fingerprinting in rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 98: 780-792.

12. Bornet, B. and M. Branchard, 2001. Non-anchored inter simple sequence repeat (ISSR) markers: reproducible and specific tools for genome fingerprinting. Plant Mol Bio Res., 19:209-215.
13. Botstein, D. R. L., White, M. Skolinck, and R.W. Davis. 1980. Constraction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am. J. Hum. Genet., 32: 314-331.
14. Brew Baker. J.I. 1957. Pollen cytology and self incompatibility systems in plants. Journal of Heredity. 271-277.
15. Brini, W., Mars, M., Hormaza, J.I. 2008.Genetic diversity in local Tunisian pears (*Pyrus communis* L.) studied with SSR markers. SCI. HORT. 115:337-341.
16. Brootherts W., Verdood L., Keulemns J., Janssens G. and Broekaert W.F. 1996. The self- incompatibility gene in apple and determination of S-genotype of apple cultivars by PCR. Acta Hortic 423: 103- 109.
17. Cao, li., Bai, hong and Wang, cheng. 2006. A New method for pear DNA extraction and its application. Hubei Agricultural sciences 2006-03.
18. Cao, Y.F., F.Z. Liu, Y. Gao, L.J. Jiang, K. Wang, Z.Y. Ma, and K.C. Zhang. 2007. SSR analysis of genetic diversity of pear cultivars. Acta Hort. Sinica 34:305–310.
19. Cao Y, Tian L, Gao Y. 2012. Genetic diversity of cultivated and wild Ussurian Pear (*Pyrus ussuriensis* Maxim.) in China evaluated with M13-tailed SSR markers. Genet Resour Crop Ev. 59(1):9–17.
20. Cavan, G., V. Potier., and S.R. Moss.2000. Genetic diversity of weeds growing in continuous wheat. Weed Res. 40 301-310.
21. Chevreau E., S.Leuliette andM.Gallet.1997. Inheritance and linkage of isozymeloci in Pear (*Pyrus communis* L.), Theor. Appl. Genet. CrossRef. 94: 498–506.
22. Cho K H., SH. Shen, S. H. Kim, Kim J H.,D. H. Kim, Y .U. Shin and H. S. Hwan.2012. Identification of Korean pear cultivars using combinations of SCAR markers. Hort. Environ. Biotechnol. 53(3):228-236.
23. Chookajorn, T., Kachroo, A., Ripoll, D.R., Clark, .A.G., Nasrallh, J.B. (2004). Specificity determinants and diversification of the *Brassica* self-incompatibility pollen ligand. Proc. NatlAcad. Sci. USA, 101: 911- 917.
24. Choumane. W., P. Winter., F.Weigand., and G. Kahl. 2000. Conservation and variability of sequence – tagged microsatellite sites (STMS) from chickpea (*Cicer aerietinum* L.) within genus Cicer. Theor Appl Genet. 101: 269 – 278.

25. Clarke A.E. and Newbigin E.. 1993. Molecular aspects of self-incompatibility in flowering plants. Annu. Rev. Genet. 27:257–279.
26. Clarke K.R., Okuley J.J., Collins P.D., and Sims T.L. 1990. Sequence variability and developmental expression of S-alleles in self-incompatible and pseudo self-incompatible Petunia. Plant Cell 2:815–826.
27. Degani, C,. Rowland, L J,. Levi, A,. Hortynski, J A and Galletta G J. 1998. DNA fingerprinting of Strawberry (*Fragaria X ananassa*) cultivars using randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. Euphytica. July 1998, Volume 102, Issue 2, pp247- 253.
28. De Franceschi P., Pierantoni L., Dondini L., Grandi M., Sanzol J. and Sansavini S. 2011. Cloning and mapping multi ple S-locus F-box genes in European pear (*Pyrus communis* L.). Tree Genetics & Genomes 2011**.** 7:231–240.
29. Del Duca S., Cai G., Di Sandro A. and Serafini-Fracassini D. 2010. Compatible and self-incompatible pollination in Pyrus communis displays different polyamine levels and transglutaminase activity. Amino Acids 2010**.** 38:659–667.
30. de Nettancourt D. 1977. Incompatibility in Angiosperms. In**:** R. Frankel, G.A.E. Monographs on theoretical and applied genetics. vol. 3. Springer**-**Verlag, Berlin. Gall, M. Grossmanand, and H.F. Linskens (eds**.**)**.**p. 28–57.
31. Dequigiovanni G., Rech F., Gomes F. G., Cerotti I. S., Faoro I., Ricardo P., Oliviera D., Quecini V and P. Ritshel. 2012. Identification of Simple Sequence Repeat Molecular Marker Set For Large- Scale analyses of Pear germplasm. Crop Breeding and Applied Biotechnology 12: 118-125.
32. Di Sandro A., Serafini-Fracassini D., Del Duca S., Della Mea M., Faleri C., Cai G., De Franceschi P., Dondini L. and Sansavini S. 2007. Pollen Transglutaminase In Pear Self Incompatibility And Relationships With S-Rnases And S-Allele Variability. ISHS Acta Horticulturae 800: X International Pear Symposium.
33. Dirlewanger, E., S. Duha, M.A. Viruel, R. Saunier, and R. Monet. 1998. Identification of peach varieties using molecular markers. Acta Hort 465:69–77.
34. Dolezalova I., Kristkova E., Lebeda A., Vinter V., Astley D., Boukema I. W. 2003. Basic Morphological Descriptors for Genetic Resources of Wild Lactuca Spp. Plant Genetic Resources Newsletter, No.134, P: 1-9.

35. East, E. M. 1940. The Distrebution of self- sterility in the flowering plants Proc. Amer. Phil. Soc. 82: 449- 518.
36. Eccher, T. and R. Pontiroli. 2005. Old pear varieties in northern Italy. Acta Hort., 671. PP:243-246.
37. Eleuch. L, A. Jalil, S. Grando, S. Ceccarelli, M. Schmising, H. Tsujimoto, A. Hajer, A. Daaloul and M. Baum. 2008. Genetic Diversity and association analysis for salinity tolerance, heading date and plant height of wheat gemoplasm using simple sequence repeat markers. J. Integr. Plant Biolo. 50(8):1005-1015.
38. Emebiri. L.C., G. Platz., and D.B. Moody. 2005. Disease resistance genes in a doubled haploid of population of two- rowed barley segregation for malting quality attributes. Australian Journalof Research.56: 49 – 56.
39. Engels J. M., and M. Engelmann. 2002. Botanic Gardens and Agricultural Genebanks: Building on Complementary Strengths for More Effective Global Conservation of Plant Genetic Resources. Plant Genetic Resources Newsletter, No.131:49-54.
40. Fang D. Q. and M. L. Roose. 1997. Identification of closely related citrus cultivars with inter-simple sequence repeat markers. Theor. Appl. Genet. 95: 408-417. nm
41. FAO (2016). Agricultural Statistics of the Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.
42. Fernάndez- Fernάndez F., Harvey N.G., James C.M. 2006. Isolation and Characterization of Polymorphic Microsatellite Markers from European Pear (*Pyrus communis* L.). Molecular Ecology Resources. V.6(4): 1039- 1041.
43. Franklin- Tong, V. E., Holdaway- Clarke, T.L., Straatman, K.R., Kunkel, J.G. and Helper, P.K. 2002. Involvement of extracellular calcium influx in the self-incompatibility response of *Papaver rhoeas.* Plant J. 29: 333- 345.
44. Fryxell, P. A. 1957. Mode of Reproduction of higher plants. Bot. Rev. 23: 135-233.
45. Fu- Rong G., G.Jian- Ying andW. Fang- Hao. 2007. Application of ISSR molecular marker in invasive plant species study. State key laboratory for Biology of plant diseases and insect pests institute of plant protection, Yunnan Agricultural university, Kunming Chin. J. Appl. Ecol. 18(4): 919-927
46. Gharehaghaji N. A., Arzani K., Abdollahi H., Shojaeiyan A., Dondini L., De Franceschi P. 2015**.** Identification and S- genotyping of Novel S- alleles in Wild species of *Pyrus* Genus. Tulīf va Farāvarī- I Mahsūlā- I Zirāīva Bāghī. V5 pp: 239- 252**.**
47. Gianfranceschi, L., N.Seglias, andR.Tarchini. 1998. Simple Sequence

Repeats for the genetic analysis of Apple, Theor. Appl. Genet. CrossRef. 96: 1069–1076.
48. Goulão, L., L. Monte-Corvo, and C.M. Oliveira. 2001. Phenetic characterisation of cultivars of plum (*Prunus* sp.) by high multiplex ratio markers: Amplified fragment length polymorphisms and inter-simple sequence repeats. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126:72–77.
49. Graner A. 2008. Genbank Treasure of Biodiversity, Rural 21, The International Journal for Rural Development, v.42. no.2, P: 38.
50. Graner. A, A. Jahoor, J. Schondelmaier, H. Siedler, K. Pillen, G. Fischbeck, G. Wenzel, and R. Herrmann. 1991. Construction of an RFLP map of barley. Theor Appl Genet 83:250–256.
51. Gupta M.,Y.S.Chyi, J. Romero-Severson and J.L Owen. 1994. Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of simple sequence repeats. Theor. Appl. Genet. 89: 998-1006.
52. Halász J**.** And Hegedûs A. 2006. Self-incompatibility in pears (*Pyrus communis* L ، *Pyrus serotina* Rehd. and *Pyrus ussuriensis*). International Journal of Horticultural Science 2006, 12 (2): 87–91.
53. Hamwieh. A, S. Udupa, W. Choumane, A. Sarker, F. Dreyer,C. Jung, and M. Baum. 2005. A genetic linkage map of Lens sp based on microsatellite and AFLP markers and the localizationoffusarium vascular wilt resistance. Theor Appl Genet. 110:669-677.
54. Hinata K., Watanabe M., Toryama K., and Isogai A. 1993. A review of recent studies on homomorphic self-incompatibility. Intl. Rev. Cytol. 143:257–296.
55. Hiratsuka Sh., Nakashima M., Kaaki K., Kubo T. and Kawai Y. 1999.Comparison of an S-protein expression between self-compatible and -incompatible Japanese pear cultivars. Sex Plant Reprod (1999) 12:88–93.
56. Iglesias, I. 2008. Agronomical Performance and Fruit Quality of Early Harvesting Pear Cultivars in Spain. Acta Hort., 800. PP:249-256.
57. Iketani, H., T. Manabe, N. Matsuta, T. Akihama, and T. Hayashi. 1998. Incongruence between RFLPs of chloroplast DNA and morphological classification in east Asian pear (*Pyrus* spp.). Gene. Resour. Crop Ev. 45:533–539.
58. Ishimizu T., Inoue K., Shimonaka M., Satio T., Terai O. and Norioka S. 1999. PCR-based method for identifying the S- genotype of Japanese pear cultivars. Theor Appl Genet 98: 961- 967.
59. Jackson, J.E. 2003. The growing of Apples and Pears. In: Biology of Apples and Pears. Pp: 4-5.

60. Jain A., C.Apparanda and P.L. Bhalla. 1999.Evaluation of genetic diversity and genome fingerprinting of *Pandorea* (*Bignoniaceae*) by RAPD and inter-SSR PCR. Genome 42: 714-719.
61. Jarvis D. I., and T. Hodgkin. 1999. Wild Relatives and Crop Cultivars: Detecting Natural Introgression and Farmer Selection of New Genetic Combinations in Agroecosystems. Molecular Ecology 8: 159-173.
62. Jarvis D. I., L. Myer., H. Klemick., M. Smale., A. H. D. Brown., M. Sadiki., B. Sthapit., and T. Hodgkin. 2000. A Training Guide for In Situ Conservation on-Farm. Version1. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
63. Jau-Yeah wang, Jau-Chang shih.2016 . Molecular markers for fingerprinting among cultivars of oriental Pear (*Pyrus pyrifolia* Nakai). Agricultural research Institute, COA, Taiwan.
64. Kachroo, A A., Schopfer, C.R., Nasrallah, M.E., Nasrallah, JJ.B. 2001. Allele-specific receptor- ligand interactions in *Brassica* self- incompatibility. Science, 293: 1824- 1826.
65. Kalbermatten D. G. 2007. Millennium Assessment1, Desertification and Natural Resources, Environment and Food Security. Agricultural and Rural Development-Contributing to International Cooperation, Frankfurt, Germany,v.14, n.1, P:10-12.
66. Kalkisim O., Okcu M., Okcu Z., Karabulut B., Yildirim N., Agar G. 2016. Relationship among some Pears Genotypes (*P. communis*) based on ISSR and RAPD Analysis. Erwerbs- Obstbau. V58. Pp259-264.
67. Kao, T. H., Tsukamoto, T. 2004. The molecular and genetic bases of S-RNase- based self- incompatibility. Plant Cell, 16-S72- S83.
68. Karakousis. A, A.R. Barr, J.K. Chalmers, G.A. Ablett, T.A. Hoton,R.J. Henry, P. Lim, and P. Langridge. 2003. Potential of SSRmarkers for plant breeding variety identification in Australian barley germplasm. Australian Journal of Agricultural Research. 54: 1197 – 1210.
69. Karp, A., S. Kresovich, K. V. Bhat, W. G. Ayad, and T. Hodgkin. 1997. Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies. 1st ed. IPGRI Technical Bulletin NO. 2. IPGRI, Rome, Italy, Pp. 9-21.
70. Kaufmann H., Salamini F., and Thompson R.D. 1991. Sequence variability and gene structure at the self-incompatibility locus of Solanum tuberosum. Mol. Gen. Genet. 226:457–466.

71. Khlestkina. E. K, M. S. Roder, T. T. Efremova, A. Borner, and V.K. Shumny. 2004.The genetic diversity of old and modern Siberian varieties of common spring wheat as determined by microsatellite markers. Plants Breeding. 123: 122 – 127.
72. Khorshidi Sh., Davarynejad. G., Samiei. L., Moghaddam. M. 2017. Study of genetic diversity of Pear genotypes and cultivars (*Pyrus communis* L.) using inter- simple sequence marker (ISSR). Erwerbs- Obstbau.
73. Kijas, J. M. H.; J. C. S., Fowwler and M. R., Thomas. 1995. An evaluation of sequence tagged microsatellite site markers for genetic analysis within Citrus and related species. Genome 38: 349-355.
74. Kim C.S., Lee C.H., Park K.W., Kang S.J., Shin I.S., Lee G.P. 2005. Ph y-logenetic relationships among *Pyrus pyrifolia* and P. communis detected by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) and conserved rDNA sequences. SCI. HORT. 106: 491 -501.
75. Kimura T., Yamamoto T., Hayashi T and Y. Ban. 2003. Development of SSR Markers and Genetic Identification of Pear Varieties. International Union for the Protection of New Varieties of Plants (Geneva).
76. Korbin, M., A. Kuras., and E. Żurawicz. 2002. Fruit plant germplasm characterisation using molecular markers generated in RAPD and ISSR-PCR. Cell. Mol. Biol. Lett. 785-794.
77. Lane A. 2007. An introduction to crop wild relatives, Geneflow, Publication about Agricultural Biodiversity, Bioversity International, p:19.
78. Larid J. 2007. Crop Diversity : A Secret Weapon, Geneflow, Publication about Agricultural Biodiversity, Bioversity International, P:31-32.
79. Lawyer. F.,S.Stoffel, R.Saiki, S.Chang,P.Landre, R.Abramson andD. Gelfand. 1993. "High-level expression, purification, and enzymatic characterization of full-length *Thermus aquaticus* DNA polymerase and a truncated form deficient in 5' to 3'exonuclease activity". PCR methods and applications2 4: 275–287.
80. Leroy X.J. and K. A. Leon. 2000. Rapid method for detection of plant genomic instability using unanchored-microsatellite primers. Plant Mol. Biol. Rep. 18: 283a-283g.
81. Lewis D. and Modlibowska I. 1946. General Studies in Pears. John Innes Horticultural Institution, Morton, London.
82. Li hong-guo, Wu yun tang, Du jin-song, Baomei-rong. 2009. Identification of 13 Samples in Pyruspyrifolia by ISSR Molecular Markers.JIMAU (Natural

science edition).
83. Lisek. S andE. Rozpara. 2010. Identification of Pear cultivars with RAPD and ISSR markers. Journal of fruit and ornament plants. 18(2): 17-22.
84. Liu. Z. W, R. M. Biyashev, and M. A. SaghaiMaroof. 1996. Development of Simple Sequence Repeat DNA Markers and their integration into a barley linkage map. TheorAppl Genet. 93: 869 – 876.
85. Lombard, P.B; Westwood, M.N. 1987. Pear rootstocks. In: Rootstocks for fruit crops, ed. Rom, R.C. and Carlson, R.F, Pp: 83- 145.
86. Maniatis. T, E. F. Fritsch, and J. Sambrook. 1982. Molecular cloning, a laboratory manual (Cold Spring Harbor: Cold Spring Harbor Laboratory).
87. Martins- Lopez P., Gomes S., Lima- Brito J., Lopes J., Guedes-Pinto H. 2009. Assessment of clonal genetic variability in (*Olea europaea* L.) 'Cobrançosa' by molecular markers. Scientia Horticulture (December, 2009). V.123(1), pp:82-89.
88. Matus. I. A, and P. M. Hayes. 2002. Genetic diversity in three groupsof barley germplasm assessed by simple sequence repeats.Genom. 45: 1095 – 1106.
89. Mohammadi. S.A.; Prasanna. B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants: salient statistical tools and considerations cropscie .43: 1235-1248
90. Mohan. M.,S. Nair and A.Bhagwat. 1997. Genome mapping, molecular markers and marker-assisted selection in crop plants, Mol. Breed. CrossRef. 3: 87–103.
91. Monte- Corvo L, Goulo. L, Oliveira C.2000a. Discrimination of pear cultivars with RAPD, AFLP™ and ISSR. ISHS Acta Horticulture. 96:187-191.
92. Monte-Corvo L., L.Cabrita, C.Oliveira and J.Leitao. 2000b. Assessment of genetic relationships among *Pyrus*species and cultivars using AFLP and RAPD markers, Genet. Res. Crop Evol.CrossRef.47: 257–265.
93. Monte-Corvo, L., L.Gouloand C.Oliveira. 2001. ISSR analysis of cultivars of Pear and suitability of molecular markers for clone discrimination, J. Amer. Soc. Hort. Sci. 126 (5): 517–522.
94. Monte- Corvo L., Goulao L., Oliveira C. 2002. Discrimination of pear cultivars with RAPD, AFLP and ISSR. ACTA HORT. 596: 187-191.
95. Moreno, S., J.P. Martín, and J.M. Ortiz. 1998. Inter-simple sequence repeats PCR for characterization of closely related grapevine germplasm. Euphytica 101:117– 125.
96. Morgante. M, and A.M. Olivieri. 1993. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. Plant J. 3(1), 175-182.

97. Moriya Y., Yamamoto K., Okada K., Iwanami H., Bessho H., Nakanishi T. and Takasaki T. 2007. Development of a CAPS marker system for genotyping European pear cultivars harboring 17 S alleles. Plant Cell Rep 2007. 26:345–354.
98. Mota M., Tavares L. and Oliveira C M. 2007. Identification of S-alleles in pear (*Pyrus communis* L.) cv. 'Rocha' and other European cultivars. Scientia Horticulturae Volume 113, Issue 1, 5 June 2007, Pages 13–19.
99. Mouterde, P. 1952. Flora De Djebel Druze. Editeur P. lechevalier. Paris. P.121.
100. Mouterde, P. 1970. Nouvelle flore du Liban et de la Syrie. Tome II. Dar el- Machrek editeurs. Beyrouth- Pp.206- 207.
101. Mullis, K.,S. Faloona., S. Scharf., R. Saiki., G. Horn., and H. Erlich. 1986. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: The polymerase chin reaction. Cold spring Harbor Symp. Quant. Biol., 51:263-273.
102. Muzher B, Sharaf A. N. 2014. Molecular characterization of some Syrian pears (*Pyrus syriaca* Boiss) genotypes using SSR markers. Jordan journal of Agricultural sciences. V10. No4.
103. Nei,S. M. 1972. Interspecific gene differences and evolutionary time estimated from electrophoretic data on protein identity. Amer. Naturalist 105:385-98,
104. Nei, S.M. 1987.Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89: 583-590.
105. Nishitani Ch., Terakamish Sh., Sawmura Y., Takada N., Yamamoto T. 2009. Development of novel EST- SSR markers derived from Japanese Pear (*Pyrus pyrifolia*). Breeding science 59: 391- 400.
106. Nurdan, D.and M. S. Akkaya. 2001. Optimization of PCR amplification of wheat Simple Sequnece Repeat DNA Markers: Turk J Biol, 25: 153-158.
107. Ordon. F, J.Ahlemeyer, K. Werner, W. Kohler, and W. Friedt. 2005. Molecular assessment of genetic diversity in winter barley and its use in breeding. Euphytica. 146: 21 – 28.
108. Ozkan. H, S. Kafkas, M. S. Ozer , and A. Brandolini. 2005. Geneticrelationships among South-East Turkey wild barley populations and sampling strategies of Hordeum spontaneum Theoreticaland Applied Genetics 112:12-20.
109. Post, G. E. 1932. Flora of Syria, Palestine and Sinai. Vol. I. American Press. Beirut. P. 454.
110. Potter D., Eriksson T., Evans R.C. 2007. Phylogeny and Classification of Rosaceae. Plant Syst Evol. 266(1-2): 5-43.

111. Powell W, Machray GC, Provan J. 1996a. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. Trends Plant Sci. 1(7):215–222.
112. Powell W., M. Morgante, J.J. Doyle, J. Mcnical, S.V. Tingey, and A.J. Rafalski. 1996b. Genepool Variation in Genus Glycine Subgenus Soja Revealed by polymorphic Nuclear and chloroplast microsatellites, Genetics 144:793-803.
113. Prabhakar, M., and D. Mark. 2002. Ultraviolet Spectroscopy and UV Lasers. New York: Marcel Dekker. ISBN 0-8247-0668-4.
114. Prell, H. 1921. Das Problem der Unbefrucht- bakeit. Naturwiss. Wochenschr. N. F. 20: 440- 446.
115. Qian.Z., Hong D., Dong Hang Z. 2007. ISSR Molecular Marker and its application in plant researches. Molecular Plant Breeding V.5.No(6). Pp:123-129.
116. Queller, D.C., J.E. Strassman., and C.R. Hughes 1993. Microsatellites and Kinship. Trends Ecol Evol. 8: 285-288.
117. Rafalski. J.A. and S.V. Tingey. 1993**.** Genetic diagnostics in plantbreeding: RAPDs, microsatellites and machines. Trends Genetics.9(8), 275-280.
118. Rakoczy-Trojanowska M., and Bolibok H. 2004. Characteristics and a comparision of three classes of Micro satellite- based markers and their application in plants. Agricultural university, Nowoursynowska, Wraszawa, Poland.
119. Raymond R. 2001. Genflow Junior Targets Youth for a Better Tomorrow. IPGRI, Annual Report, Rome , Italy. P:22.
120. Rostiana O., M.Niwa and W.Marubashi. 1999. Efficiency of inter-simple sequence repeat PCR for detecting soma-clonal variation among leaf-culture-regenerated plants of horseradish. Breed. Sci. 49: 245-250.
121. Roussel, J., M. Koenig., M. Beckert., and F. Balfourier. 2004. Molecular diversity in French bread wheat accessions related to temporal trends and breeding programmes. Theor. Appl. Genet. 108:920–930.
122. Ruptsov G A. 1944. Geographical Distribution of the Genus *Pyrus* and Trends and Factors in Its Evolution. Am Nat. 78 (777): 358- 366.
123. Russell. J, J. Fuller, G. Young, B. Thomas, G. Taramino, M. Macaulay, R. Waugh, and W. Powell. 1997. Discriminating between barley genotypes using microsatellite markers. Genome 40: 442 – 450.
124. Saiki. R. K, S. Scharf, F. Faloona, K. B. Mullis, G.T. Horn, H.A. Eriich, and N. Amheim. 1985. Enzymatic amplification of b-globulin genomic

sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anaemia. Science 230:1350 - 1354.

125. Saiki. R.K, D.H. Gelfand, S. Stoffel, S.J. Scharf, R. Higuchi, G.T. Horn,K.B. Mullis, and H.A. Erlich. 1988. Prime-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase.Science 239:487-491.

126. Sanzol J and Herrero M. 2002. Identification of self-incompatibility alleles in pear cultivars (*Pyrus communis* L). Kluwer Academic Publishers. Printed in the Netherlands. Euphytica128: 325–331.

127. Sanzol J. 2008. Pistil-function breakdown in a newS-allele of European pear‹ S21, confers self-compatibility. Plant Cell Rep 2008 28:457–467.

128. Sanzol J. and Robbins P. 2008. Combined analysis of S-allels in European Pear by pollinations and PCR- based S-genotyping; Correlation between S-phenotypes and S-RNase Genotype. J. AMER. Soc. Hort. Sci. 133(2): 213-224. 2008.

129. Sanzol J. 2009. Genomic characterization of self-incompatibility ribonucleases (S-RNase s) in European pear cultivars and developmen t of PCR detect ion for 20 alleles. Tree Genetics & Genomes (2009) 5:393–405.

130. Sanzol J., Goldway M., Takasaki-Yasuda T., Mota M., Zisovich A., Stern R A. and Sansavini S. 2009. Renumbering the S-RNase alleles of European pears (*Pyrus communis* L.) and cloning the S109 RNase allele. Scientia Horticulturae 119 2009 417–422.

131. Sassa H., Hirano H., and Ikehashi H. 1992. Self-incompatibility-related RNases in styles of Japanese pear (Pyrus serotina Rehd). Plant Cell Physiol. 33:811–814.

132. Sedov, E.N., N.G.Krasova, E.A.Dolmatovand A.V.Sidorov. 2008. Th**0**e use of Pear gene pool for production of new cultivars, AgroXXI. 6: 21–24.

133. Sehic J., Garkava- Gustavsson L., Fernandez- Fernandez F., Nybom H. 2012. Genetic diversity in a collection of European pear (*Pyrus communis*) cultivars determined with SSR markers chosen by ECPGR. Scientia Horticulturae. V145. Pp:39-45.

134. Serwer, Ph. 1983. "Agarose gels: Properties and use for electrophoresis". Electrophoresis 4 (6): 375–382. doi: 10.1002/elps .1150040602

135. Shan jiang- hua, Li Jiang, Luo Shu-Ping, Q. Cheng, and Li Chao. 2010. Analysis of genetic relationship of Pear germplasm resources in Xinjiang

based on ISSR and RAPD. Xinjiang Agricultural Sciences. September.
136. Sharifani M.M., Jackson J.F. 2000. Characterization of pear species and cultivas using RAPD primers. ACTA HORT. 538: 499- 504.
137. Sharma. H., Vikrant., Patidhar. Sh., Sharma. R. 2017. Genetic relationships among Pear genotypes revealed by RAPD and ISSR markers. International Journal of Chemical Studies. 5(5): 462- 466.
138. Shen, Y.Y., Y.W. Teng, and K. Tanabe. 2006. RAPD analysis for genetic assessment of some cultivars of*Pyrus pyrifolia*derived from China and Japan. Acta Hort. Sinica. 33:621– 624.
139. Silva.G.J, T.M. Souza, R.L. Barbieri andA.C. de Oliviera. 2014. Origin, domestication and dispersing of Pear (*Pyrus*spp). Advances in Agriculture. 2014: 1-5.
140. Sneath, P. and R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy. San Francisco: W. H. Freeman.
141. Song yanchun, Li yongyu, Huang tianyi, Wu shaohua. 2015. Low chilling character research on the diversity of ISSR among 38 Pears.
142. Sruss. D, and J. Plieske. 1998. The use of microsatellite markers fordetection of genetic diversity in barley populations. Theor Appl Genet. 97: 308 – 315.
143. Sweigart. A, K. Karoly, A. Jones, and H.J. Willis. 1999. The distribution of individual inbreeding coefficients and pairwise relatedness in population of Mimulusguttalus. Herditiy 83:625 - 632.
144. Takasaki T., Castillo C., Saito T ., Norioka Sh. and Nakanishi T. 2002. Cloning of the S8-RNase (S8-allele) of Japanese Pear (Pyrus pyrifolia Nakai). Plant Biotechnology. Vol. 19 2002**.** No. 1 P 1-6.
145. Takasaki T., Moriya Y., Okada K., Yamamoto K., Iwanami H., Bessho H. and Nakanishi T. 2006. cDNA cloning of nine S alleles and establishment of a PCR-RF system for genotyping European pear cultivars. Theor Appl Genet 2006 112: 1543–1552.
146. Takayama, S., Shimamoto, H., Shiba, H., Funato, M., Chem F.S., Watanabe, M., Iwano, M., Isagai, A. 2001. Direct ligand- receptor complex interaction controls Brassica self- incompatibility. Nature, 413: 535- 538.
147. Tautz D, and M. renz. 1984. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. Nucleic Acid Research 12: 4127-4183.
148. Tautz. D. 1989**.** Hypervariability of simple sequences as a generalsource for polymorphic DNA markers. Nucleic Acids Res17:6463-6471.

149. Teng, Y.W., K. Tanabe, F. Tamura, and A. Itai. 2001. Genetic relationships of pear cultivars in Xinjiang, China as measured by RAPD markers. J. Hort. Sci. Biotechnol. 76:771–779.
150. Teng Y, Tanabe K, Tamura F .2002. Genetic relationships of *Pyrus* species and cultivars native to East Asia revealed by randomly amplified polymorphic DNA markers. J Am Soc Hortic Sci. 127(2):262–270.
151. Thomas, S. G., Franklin- Tong, V. E. 2004. Self- incompatibility triggers programmed cell death in *Papaver* pollen. Nature, 429: 305- 309.
152. TomimotoY., Nakazaki T., Ikehashi H., Ueno H. and Hayashi R. 1996. Analysis of self-incompatibility-related ribonucleases (S-RNases) in two species of pears, Pyrus communis and Pyrus ussuriensis. Scientia Horticulturae Volume 66, Issues 3–4, October 1996, Pages 159–167.
153. Tuz, A.S. 1972. On the Classification of the genus *Pyrus* L., Tr. Prikladn. Botan.Genet.Selekts., 46: 70–91.
154. Urrestarazu J, Royo JB, Santesteban LG, Miranda C. 2015. Evaluating the Influence of the Microsatellite Marker Set on the Genetic Structure Inferred in Pyrus communis L. PLoS ONE 10(9): e0138417.
155. Van der Nest. M.A.,E.T.Steenkamp, B.D. Wigfield and M.J. Wingfield. 2000. Development of simple sequence repeat (SSR) markers in Eucalyptus from amplified inter-simple sequence repeats (ISSR). Plant Breed. 119: 433-436.
156. Von – korff. M, H. Wang, J. Leon, and K. pillen. 2006. AB – QTL analysis in spring barley. Detection of favorable exotic allelesfor (Hordeum Vulgare ssp spontaneum). Theor Appl Genet. 112: 1221 – 1231.
157. Vos, P., R. Hogers, M. Bleeker, M. Reijans, T. van de Lee, M. Hornes, A. Frijters, J. Pot, J. Peleman, M. Kuiper, and M. Zabeau. 1995. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Res. 23:4407–4414.
158. Wang, Ch.L., J. Wu., G.H. Xu., Y.B Gao., G. Chen., J.Y. Wu., H.Q. Wu and Sh.L Zhang 2010. S-RNase disrupts tip-localized reactive oxygen species and induces nuclear DNA degradation in incompatible pollen tubes of Pyrus pyrifolia. Journal of Cell Science 123. PP: 4301-4309 .
159. Weber, J.K. and P.E. May 1989. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. Am. J. Hum. Genet. 44: 388–397.
160. Weber. J.L. 1990. Informativeness of human (dC-dA) n. (dG-dT) n polymorphisms. Genomics, 7:524-530.
161. Westwood, M.N. 1982. Pear germplasm of the new national

clonalrepository: Its evaluation and use, Acta Hort. 124: 57–65.
162. Wheeler, M. J., Aemstrong, S.A., Franklin- Tong, V.E., Franklin, F.C.H. 2003. Genomic organization of the *Papaver rhoeas* self incompatibility S1 locus. J. EXP.Bot. 54: 131- 139.
163. Whitehouse, H. L. K. 1950. Multiple allelomorph incompatibility of pollen and style in the Angiosperms. Ann, Bot. 14: 199- 216.
164. Williams, J.G.K., A. R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski and S.V. Tingey. 1993. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research 18 (22): 6531-6535.
165. Winfried V. D. 2008. The WDR **.**2008: What it Has to Say About Agriculture, Rural 21(International Journal for Rural Development), V42. No 4. P:8-14.
166. Wolfe A.D., Q.-Y Xiang and S.R. Kephart. 1998. Assessing hybridization in natural populations of *Penstemon* (*Scrophulariaceae*) using hypervariable inter simple sequence repeat markers. Mol. Ecol. 71: 1107-1125.
167. Wolko. Ł., Antkowiak. W., Lenartowicz. E., Bocianowski. J. 2010. Genetic diversity of European pear cultivars (Pyrus communis L.) and wild pear (Pyrus pyraster (L.) Burgsd.) inferred from microsatellite markers analysis. Genetic Resources and Crop Evolution. 57 (6): 801- 806.
168. Wu lian, Yu xiaoying, Xiong xingyao, Huang di. 2010. Establishment and optimization of ISSR-PCR reaction system in *Pyrus pyrifolia*. Chinese Agricultural Science Bulletin. 26(23):254-258**.**
169. Wu lian, Yuan deyi, Huang di. 2012. Inter- simple sequence repeat analysis on *Pyrus pyrifolia* cultivars germplasm.Chinese Agricultural Science Bulletin 28(01):207-211**.**
170. Wünsch A., Hormaza J.I. 2007. Characterization of variability and genetic similarity of European pear using microsatellite loci developed in apple. SCI. HORT. 113: 37-43.
171. Yakavin.N.A. Fesenkis I.A. Isachkin A.V. Karlov G.A. Polymorphism of micro-satellite loci in cultivars and species of pear (*Pyrus* L.).2011.RJG. May .47(5): 564-570.
172. Yamamoto T., T.Kimura and Y.Sawamura. 2001. SSRs isolated from Apple can identify polymorphism and genetic diversity in Pear, Theor. Appl. Genet. CrossRef. 102: 865–870.
173. Yamamoto T., T.Kimura and Y.Sawamura. 2002a. Simple sequence Repeats for Genetic Analysis in Pear, *Euphytica.* CrossRef
174. Yamamoto T., T.Kimura andY.Ban. 2002b. Development of

Microsatellite markers in Japanese Pear (*Pyrus pyrifolia*Nakai), Mol. Ecol. Notes.CrossRef.2: 14–16.

175. Yamamoto T, Kimura T, Shoda M. 2002c. Genetic linkage maps constructed by using an interspecific cross between Japanese and European pears. Theor Appl Genet. 106(1):9–18.

176. Yamamoto T, Kimura T, Soejima J. 2004. Identification of quince varieties using SSR markers developed from pear and apple. Breed Sci. 54(3):239–244.

177. Yu. Y.G, M.A. Saghai Maroof, G.R. Buss, P.J. Maughan, and S.A. Tolin.1994**.** RFLP and microsatellite mapping of a gene for soybeanmosaic virus resistance. Phytopathology 84: 60-64.

178. Yue. X. Y., Liu. G. Q., Zong. Y., Teng. Y. W., Cai. D. Y. 2014. Development of genic SSR markers from transcriptome sequencing of pear buds. J Zhejiang Univ Sci B. 15(4): 303- 312.

179. Zhang, D., Q. Shu, Y.W. Teng, M.H. Qiu, L. Bao, and H.J. Hu. 2007. Simple sequence repeat analysis on genetic assessment of Chinese red skinned sand pear cultivars. Acta Hort. Sinica 34:47–52.

180. Zhengwang Jiang, Feiyan tang, Hongwen huang, Hongju hu, Qiliang chen . 2009. Assessment of genetic diversity of Chinese sand pear landraces (*Pyrus pyrifolia* Nakai) using Simple Sequence Repeat markers. Hortscience 44(3): 619-626.

181. Zhi tiang, Du ke jiu, Cui jian-zhao, Liu chun-qin. 2010. Establishment of ISSR-PCR reaction system of *Pyrus bretschneideri* Rehd.cv.Yali

182. Zhong, J., X.Lv, R.Liu and H.Chen. 2009. Genetic relationship of sweet Cherry (*Prunus avium* L.) based on SSR markers.Plant Sciences Research. 2(1): 6-10.

183. Zhu liwu, Di Zhu ying, Bing Jia and Shuiming Zhang. 2009. Study on Pear (*Pyrus* spp.) germplasm resources collected at the protection district of ‘’Dong Shhansuli’’ by ISSR markers. Horticulture, Environment and Biotechnology. 4: 334-340.

184. Zietkiewicz, E., A. Rafalski, and D. Labuda. 1994. Genome fingerprinting bysimple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification.Genomics 20:176–183.

185. Zuccherelli S., Tassinari P., Broothaerts W., Tartarini S., Dondini L. and Sansavini S. 2002. S-Allele characterization in self-incompatible pear (*Pyrus communis* L). Sex Plant Reprod 2002 15:153–158.

Abstract

This study was conducted at the Biotechnology Lab. - Faculty of Agriculture – Damascus University, in order to determinate the degree of genetic relationship among genotypes (Red Coscia, Grand Champion, Red Bartlett, Coscia, Bartlett, Comis, Meskawi, Moustafa Beik) and the species *Ptrus communis* ans *Pyrus syriaca*, by using ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) and relationship by using self incompatibility gene alleles; the allelic variations of self-incompatibility gene alleles in different genotypes of Pear; compatibility patterns between these varieties.

In the genetic study conducted to determine the degree of genetic relationship between the studied wild and cultivated Pear cultivars using ISSR technique, 22 primers were used for this purpose, 18 of which proved their efficiency in giving polymorphism among studied genotypes, and 110 bands were resulted, with an average of 5.67 bands per primer. The mean percentage of polymorphism was 92.72%. The two cultivars (Red Coscia and Red Bartlett) had a high degree of genetic relationship, while (Meskawi and comice), had a significant genetic variation among them.

In the study of genetic relationship between the studied genotypes by applying S-gene alleles, 23 double primers were used, 21 of them proved their efficiency in conferring amplification results in Pear genotypes. The use of these primers excretes 37 alleles. These primers gave polymorphism of 100%. With an average of 1.77 alleles per primer. The values of Polymorphic Information Content (PIC) overall mean of 0.425. Moustafa Beik and *P. syriaca* had a significant genetic variation between them, while the two varieties (Moustafa Beik and Coscia) had a significant degree of genetic relationship. Comparing between ISSR and S- gene alleles relationship techniques, the last one was more effective in distinguishing among studied Pear genotypes.

In the study of allelic variations of S- gene responsible for Self- incompatibility at the level of DNA, the study showed clear difference in these genes between the studied genotypes. The variations in molecular weight between the comparable of a single site were sometimes large and highly similar to others, and were easily discernible on the 4% metaphor agarose gel. The PCR-reaction of the alleles (S8, S7, Sd, Se, Sr, Ss, Sg) showed that there was only one pattern (A) in the studied genotypes. The alleles (Sc, Sh, St, Sm, SiSn, Sq, S19, S36, S2, S5, S4, S6) gave two patterns (A and B) in the studied genotypes. Two different patterns (A, B, C)of (Sb, S11) were observed in the studied genotypes.

The results showed that the allele S11 surpassed in the number of patterns (16)with all the studied genotypes, while Sd gave the lowest number of patterns (1 morphological patterns) with the studied genotypes. The results showed that the variety Bartlett was superior in the number of genetic patterns (20), while the genotype *P. syriaca* gave the highest number of total morphological patterns (26), while the variety Moustafa Beik gave the lowest number of morphological patterns (7).

In concolusion, Moustafa Beik and Coscia can be used as general pollinaters, as their blooming periods are compatible with the other studied genotypes.

Key words: *Pyrus*, genetic relationship, ISSR, S- gene, Alleles, matching maps.

عناوين المقالات المنشورة من البحث وأسماء المجلات العلمية التي تم النشر بها وتواريخ النشر

1. دراسة درجة القرابة الوراثية لبعض أصناف الإجاصص المدخلة والنوعين البريين ***Pyrus communis*** و ***Pyrus syriaca***. مجلة جامعة دمشق للعلوم الزراعية. قبول النشر بتاريخ 5/ 10/ 2015.
2. الأنماط الشكلية لألائل مورثة العقم الذاتي في بعض الطرز الوراثية للإجاص (***Pyrus* sp**). المركز العربي لدراسات المناطق الجافة والأراضي القاحلة، المجلة العربية للبيئات الجافة. قبول النشر بتاريخ 4/ 3/ 2018.
3. تحديد القرابة الوراثية بين بعض الطرز الوراثية للإجاص (***Pyrus* sp**) باستخدام تقنية **SSR**. مجلة جامعة البعث. قيول النشر بتاريخ 13/ 5/ 2018.
4. تحديد خرائط التلقيح التوافقية لبعض طرز الإجاص اعتماداً على مورثة عدم التوافق الذاتي **S**. مجلة الحكمة. مانشستر بريطانيا. قبول النشر بتاريخ 22/ 5/ 2018.