کاربرد پروتئین جداسازی شده به عنوان شاخصی در تشخیص زودهنگام ناسازگاری پیوند ارقام گلابی روی پایه کوئینز

حمید حسن پور - غلامحسین داوری نژاد[1]*

تاریخ دریافت: ۸۶/۷/۵
تاریخ پذیرش: ۸۶/۱۱/۱۵

چکیده

این مطالعه به منظور بررسی ارتباط پلی پپتید ها بعنوان شاخصی در تشخیص زود هنگام ناسازگاری ارقام گلابی روی کوئینز A انجام گردید. ارقام پاسکراسان(P)، بوره هاردی(BH)، درگزی(D)، بارتلت(B) روی کوئینز و پایه بذری پیوند شدند. پس از ۲ سال نمونه های پوست ارقام پیوند شده روی پایه های گلابی به ازمایشگاه منتقل و پروفیل پروتئین نمونه ها با استفاده از SDS-PAGE تعیین گردید. پروتئین های قابل حل با استفاده از روش برادفورد معین شدند. بطور کلی ارقام پیوند شده روی کوئینز A مقدار پروتئین بیشتری از ارقام روی پایه بذری داشتند. بالاترین مقدار پروتئین در ترکیب BH/QA مشاهده شد. با وجود این هیچ همبستگی خطی بین مقدار پروتئین کل و سازگاری پیوند وجود نداشت. یک باند پروتئین ۶۳KDa در پیوندکهای سازگار (BH,P) مشخص گردید. در حالیکه این باند در پیوندکهای ناسازگار (D,B) بسیار ضعیف یا اصلاً مشاهده نشد. نتایج نشان داد که این پلی پپتید می تواند بعنوان شاخصی در تعیین سطح سازگاری و تشخیص زودهنگام ناسازگاری ارقام گلابی روی پایه کوئینز A مورد استفاده قرار گیرد.

واژه های کلیدی: ناسازگاری، ارقام گلابی، کوئینز A، پروتئین، پلی پپتید

مقدمه

تشخیص زود هنگام ناسازگاری ارقام گلابی روی پایه کوئینز یکی از ضروریات اصلی قبل از احداث باغ می باشد. انتخاب یک ترکیب ناسازگار خسارت جبران ناپذیری بدنبال خواهد داشت(۱۶ ,۲۴). این علائم معمولاً سالها بعد از احداث باغ ظاهر می شود. داوری نژاد(۶) طی مطالعه ای ناسازگاری شدید ارقام نطنز و شکری روی پایه کوئینز A را در باغات آستان قدس رضوی مشاهده نمود.

مور(۱۷) و مور و والکر(۱۸ ، ۱۹ و ۲۰) تغییرات فیزیولوژیک و آناتومیک را درمحل پیوند گیاهان علفی بررسی کردند. آنها به وضوح ثابت کردند که فاز اولیه تشکیل محل پیوند برای هر دو پیوند سازگار و ناسازگار یکسان است. اگرچه پیوندهای بین جنسی کمتر استفاده می شود ولی پیوند ارقام گلابی روی به از این نوع می باشد. کوئینز تنها جنسی است که ارقام گلابی پیوئد شده روی آن پاکوتاه میشوند. استفاده از این پایه های کلونی برای تولید گلابی متراکم غیر قابل اجتناب است. با وجود این بعضی از ارقام گلابی از قبیل بارتلت[2]، نطنز و شکری روی کوئینز A ناسازگاری نشان می دهند. بنابراین برای پرورش این نوع ارقام باید از روش دو پیوندی و یا میان پایه سازگار ازقبیل بوره هاردی[3] استفاده نمود(۲۵ و۱۳). با وجود این در خزانه ها به خاطر افزایش هزینه ها از این روش استفاده نمی شود. (۵ و ۸).

در این مطالعه دانستن مکانیسم و علائم ناسازگاری برای انتخاب ترکیب مناسب پایه و پیوندك مورد نظر بوده است. علائم و نشانه های ناسازگاری پایه و پیوندك معمولا سالها بعد از احداث باغ ظاهر میشود. مشاهدات آناتومی اولیه ممکن است با ناسازگاری پیوند همبستگی نداشته باشد(۱). بنابراین تشخیص زود هنگام ترکیبات پیوندی ناسازگار جهت جلوگیری از اتلاف هزینه اقتصادی به خاطر ناسازگاری پیوند حائز اهمیت است. لاچائوند(۱۱) پیشنهاد کرد که شباهت ترکیب پروتئینی بین والدین احتمال موفقیت پیوند را زیادتر می نماید. مقایسه پروفیلهای

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد رشته علوم باغبانی دانشگاه فردوسی مشهد، استادیار علمی گروه علوم باغبانی دانشکده کشاورزی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد
* نویسنده مسئول Email: Davarnej@ferdowsi.um.ac.ir

2. Bartlet

3) Bore Hardy

پروتئینی ترکیبات پیوندی جهت پیشگوئی ناسازگاری پیوند با استفاده از SDS-PAGE در گونه های پرونوس (۱۰ و۲۴) و ویتیس (۱۴ و۱۵) مطالعه شده است. همچنین مقدار پروتئین کل در پیوند های سازگارو ناسازگار هلو روی آلو توسط مورینو و همکاران(۲۱) بررسی و مشاهده گردید که غلظت پروتئین محلول کل در پیوندهای ناسازگار پایین است.

اگرچه نکروز سلولی ایجاد شده در محل پیوند در اثر اسید هیدروسیانیک دلیل اصلی ناسازگاری پیوند در گلابی روی به اعلام شده است(۷)، اما اساس مولکولی پیوند سازگار و ناسازگار هنوز مشخص نشده است. این تحقیق جهت بررسی مقدار پروتئین محلول کل و پروفیل پلی پپتیدها در ۴ رقم گلابی: پاسکراسان[1] (PC)، بارتلت(BT)، بوره هاردی(BH) و درگزی[2] (D) پیوند شده روی پایه های بذری گلابی و کوئینز A با استفاده از SDS-PAGE انجام گردید. اهداف این مطالعه مشاهده تاثیرات پایه های متفاوت روی پروفیلهای پروتئین محلول کل در ارقام پیوند شده و شناسائی پلی پپتیدهایی است که در ارتباط با سازگاری و ناسازگاری ترکیبات پیوند گلابی روی کوئینز می باشد. این مطالعه به خاطر آشکار نمودن بعضی شاخص های ایزوآنزیمی و پروتئینی جهت تشخیص زود هنگام ناسازگاری پیوند ارقام گلابی روی کوئینز انجام گرفت.

مواد و روشها

در این آزمایش از ۲ ترکیب سازگار(P/QA و BH/QA) و ۱ ترکیب نیمه سازگار(D/QA) و ۱ ترکیب ناسازگار(BT/QA) استفاده شد(۱۱ و ۲۳). پایه های مود استفاده کوئینز A و پایه بذری گلابی بود. نمونه ها بوسیله چاقوی تیز از پوست و بافتهای کامبیوم شاخسارها تهیه و پس از خرد شدن در نیتروژن مایع در دمای ۸۰- درجه نگهداری شد.

برای استخراج پروتئین از روش بهینه شده آرورا و همکاران(۳ و ۴) استفاده شد. ۱/۵ گرم از بافتهای خرد شده پوست در بافر بورات(۵۰ میلی مول سدیم تترابورات، ۵۰ میلی مول اسید آسکوربیک، ۱ ٪ B مرکاپتواتانول، ۱ میلی مول فنیل متیل سولفونیل فلوراید[3]، (pH=9) و خمیر PVPP نامحلول به نسبت (۱ قسمت بافت+ ۵ قسمت بافر+ ۲ قسمت خمیرPVPP) در دمای ۴ درجه سانتیگراد هموژنه گردیدند. سپس نمونه ها روی یک شیکر به مدت ۱۵ دقیقه تکان داده شدند. لایه رویی محلول در فیلتر های ۰/۴ و ۰/۲ میکرو متر صاف شد. مقدار پروتئین با استفاده از روش براد فورد[4] توصیف شده بوسیله آرورا و ویسنی وسکی(۲) اندازه گیری شد.

پروتئین ها بر طبق روش لیم و همکاران(۱۲) با اضافه کردن تری کلرو استیک اسید(۱۰ ٪ ، TCA) به ۱/۵ میلی لیتر از لایه رویی نمونه ها رسوب داده شدند. نمونه ها بعد از ۳۰ دقیقه قرار گرفتن در آنکوباتور، در دمای ۴ درجه سانتیگراد به مدت ۳۰ دقیقه با ۱۶۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفوژ گردیدند. سپس پروتئین ها ۳ بار با استون شستشو داده شدند. بعد از اولین شستشو، گلوله های[5] های پروتئینی بوسیله هم زن شیشه ای خرد شدند. گلوله های پروتئینی خشک شده در بافر SDS-PAGE(۶۵ میلی مول تریس- اسید کلریدریک، گلیسرول، ۱۰ ٪(v/v)، ۲ ٪(w/v) SDS، pH ۶/۸ و ۵ ٪ بتامرکاپتا اتانول با برومو فنل آبی) قرار گرفت و برای سیستم الکتروفورز SDS-PAGE ژل بالای ۴ ٪ و ژل پایینی ۱۲ ٪ آماده شد. مقدار مساوی از پروتئین کل(۳۰ میکرو گرم) برای هر نمونه و رنگ آمیزی ژل ها با کوماسی بلو ۲۵۰ انجام شد.

مقدار پروتئین های محلول کل پیوندکها با استفاده از نرم افزارMSTATC در۳ تکرار آنالیز و نتایج با استفاده از آزمون دانکن در سطح ۱٪ مورد مقایسه قرار گرفتند.

نتایج

مقدار پروتئین محلول کل ترکیبهای پیوندی

مقدار پروتئین محلول کل ارقام پیوند شده در هر پایه متفاوت بود (جدول ۱). در کل ارقام پیوند شده روی پایه کوئینز A پروتئین محلول کل بیشتری نسبت به پیوندکهای پیوند شده روی پایه بذری گلابی داشتند.

مقدار پروتئین محلول کل در ارقام پیوند شده روی کوئینز A تنها در رقم BH بالاتر بود(۳/۷۰ میلی گرم در گرم). در حالیکه مقدار پروتئین محلول کل در پیوندك D، BT و PC تا حدودی یکسان بود و تفاوت معنی داری با همدیگر نداشتند. مقدار پروتئین محلول کل در ارقام پیوند شده روی پایه بذری تفاوت معنی دار ی

1) Passcrasana 2) Daraghazi 3) PMSF 4) Brad ford 5) Pellet

جدول(۱) مقدار پروتئین کل (میلی گرم در گرم) ارقام پیوند شده روی پایه های بذری و کوئنیز A

ارقام پیوند شده	نوع پایه	
	کوئینزA	بذری
پاسکراسان	۲/۲۲[b]	۱/۶۲[a]
بارتلت	۲/۳۲[b]	۱/۵۴[a]
درگزی	۲/۱۴[b]	۱/۵۸[a]
بوره هاردی	۳/۷۲[a]	۱/۶۷[a]

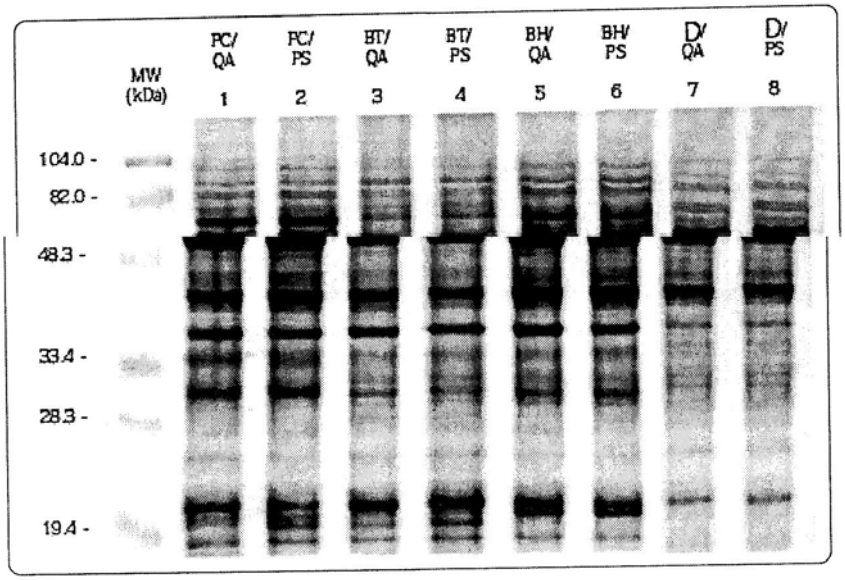
حروف مشابه در هر ستون بیانگر عدم وجود اختلاف معنی دار در سطح احتمال ۱ ٪ بین تیمارها است.

را با همدیگر نشان ندادند . این موضوع تاثیر پایه در مقدار پروتئین محلول کل را نشان می دهد .

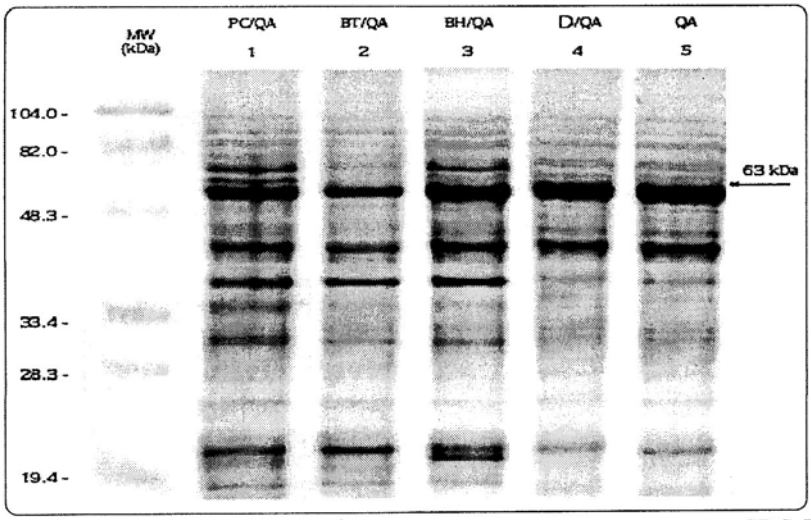
آنالیز SDS-PAGE ۳ بار تکرار شد و داده های یکی از آنها بعنوان نمونه در اینجا آورده شده است . بطور کلی باندهای پروتئین کل در بافتهای پوست هر ۴ رقم روی پایه های بذری و کوئینز A مشابه بود(شکل ۱) . بنابراین ارقام پیوند شده روی هر دو پایه بذری و کوئینز A تقریبا پلی پپتیدهای یکسانی داشتند . پلی پپتیدها در ارقام پیوند شده روی کوئینز A تقریباً مشابه پلی پپتیدهای خود پایه کوئینز A بود(شکل ۲) . تنها تفاوت معنی دار در یک باند پروتئینی ۶۳ کیلو دالتون بود . این باند در ارقام BH، PC، D و پایه کوئینز A وجود داشت در حالیکه در رقم BT وجود نداشت . بنابراین حضور این باند در ارقام سازگار(BH، PC) و نیمه سازگار(D)، اینها را از ارقام ناسازگار(BT) جدا می کند . همچنانکه داوری نژاد و همکاران(۲۰۰۸) نیز سازگاری و یا ناسازگاری ارقام فوق را به روش ایزوآنزیم و تعیین نشاسته مشخص کرده بودند .

بحث

مطالعات محدود انجام شده روی تشخیص زود هنگام ناسازگاری پیوند با استفاده از آنالیز پروتئین کل ، نشان داد که مقدار پروتئین کل در پوست ارقام پیوند شده می تواند با سطح ناسازگاری ترکیبهای پیوندی در ارتباط باشد(۲۴) . در مطالعه حاضر بالاترین مقدار پرونئین کل(۳/۷۲ میلی گرم در گرم) در ترکیب BH/QA مشاهده شد که این یک ترکیب سازگار است .



شکل(۱) پروفیل SDS-PAGE پروتئین های پوست استخراج شده از ۴ رقم گلابی : پاسکراسان(PC)، بارتلت(BT)، بوره هاردی(BH) و درگزی(D) پیوند شده روی پایه های بذری(PS) و کوئینز A . در سمت چپ سایز مارکرها نشان داده شده است . برای هر نمونه مقدار مساوی از پروتئین های کل(۳۰ میکرو گرم) تزریق شده است .



شکل(۲) پروفیل SDS-PAGE پروتئین های پوست استخراج شده از ۴ رقم گلابی : پاسکراسان(PC)، بارتلت(BT)، بوره هاردی(BH) و درگزی(D) پیوند شده روی پایه کوئینز A . پروفیل پروتئین پوست پایه QA سمت راست(لان ۵) و سمت چپ سایز مارکرها نشان داده شده است. برای هر نمونه مقدار مساوی از پروتئین های کل(۳۰ میکرو گرم) تزریق شده است.

از این رو BH یک رقم موثر است که بعنوان میان پایه برای ارقام ناسازگار مانند BT بکار می رود. با وجود این، در ترکیب سازگار دیگر مثل PC/QA مقدار پروتئین کل بالاتر نیست. به عبارت دیگر در پایه های بذری مورد آزمایش همه ترکیبهای پیوندی دارای مقدار پروتئین کل پایینی بودند. داده های حاصل از این مطالعه با داده های مورینو و همکاران(۲۱) که مقدار پروتئین کل پایینی را در ارقام ناسازگار هلو روی آلو ۳ ماه بعد از پیوند گزارش کرده بود، مطابقت نداشت. فعالیت فیزیکی غیر استاندارد و ضعیف در این ترکیبهای پیوندی ممکن است به خاطر رشد ضعیف پیوندك و اتصال آوندی ناکافی باشد که این موضوع می تواند کاهش مقدار پروتئین کل در اوایل پیوند را توضیح دهد.

بطور کلی آنالیز داده ها نشان داد که افزایش مقدار پروتئین کل در پوست ارقام پیوند شده روی کوئینز A دراثر استرس ایجاد شده است. کوئینز با گلابی در یک تیره ولی در دو جنس جداگانه قرار دارند. به خاطر این موضوع، استرس حتی در ترکیبهای سازگار نیز وجود دارد. با وجود این نتایج نشان داد که هیچ رابطه ای واضحی بین ناسازگاری گلابی روی کوئینز و مقدار پروتئین کل ارقام پیوند شده در نهالهای چند ساله وجود ندارد. بنابراین اندازه گیری پروتئین کل، احتمالاً در مراحل اولیه پیوند می تواند شاخص بهتری برای رابطه بین ترکیبهای سازگار و ناسازگار باشد. همانطوریکه از شکل ۱ و ۲ نیز مشهود است، باند پروتئینی ۶۳ کیلو دالتون در ترکیبهای سازگار(PC/QA و BH/QA) و ترکیب نیمه سازگار(QA /D) وجود دارد در حالیکه همین باند در ترکیب ناسازگار(BT/QA) وجود ندارد. همچنین این باند در پایه کوئینز A نیز وجود دارد. شدت باند ۶۳ کیلو دالتون بسته به ترکیب پیوندی تغییر می یابد. پلی پپتید ۶۳ کیلو دالتونی مشاهده شده در ترکیب PC/QA تیره تر از ترکیبهای دیگر است که می تواند در ارتباط با سطح سازگاری ترکیبهای پیوندی باشد.

تاکنون مطالعات محدودی روی اساس مولکولی روابط پایه و پیوندك انجام شده است. با وجود این گزارش شده است که ژنهای معینی فعال ویا غیر فعال می شوند یا اینکه اطلاعات ژنتیکی ممکن است بین پایه و پیوندك انتقال یابد(۲۲). بعضی خصوصیات ارقام پیوند شده که بوسیله پایه تغییر می یابد(کیفیت میوه، باردهی، رسیدن، درجه رشد نونهالی و غیره) و فرآیندهای مرتبط به رشد و نمو و ساختار گیاه مربوط به تغییرات اپی ژنتیکی می باشند زیراکه این نوع تغییرات در ژنوتیپ گیاه در طول فرآیندهایی مثل پیوند اتفاق نمی افتد(۸ و ۱۰). بنابراین بعد از عمل پیوند، پیوندك در سالهای بعد اتوتروف می شود(۲۱). این موضوع ممکن است توضیح دهد که چرا یک رقم معین گلابی تقریبا پروفیل پروتئین یکسانی دارد، حتی اگر روی پایه های متفاوت پیوند شود.

بطور کلی آنالیز داده ها نشان داد که باند پروتئینی ۶۳ کیلو دالتونی در ترکیبهای سازگار(PC و BH) و نیمه سازگار(D) پیوند شده روی هر دو پایه بذری و کوئینز A و همچنین در خود پایه کوئینز A آشکار می شود. این نتایج نشان می دهد که ظهور این

پلی پپتید ممکن است منحصر به ارقام سازگار گلابی باشد. موفق باشد.
بنابراین این موضوع ممکن است یک عکس العمل کلی در ترکیبهای

منابع

1. Andrews, P.K. and C. Serrano Marquez. 1993. Graft incompatibility, Hort. Reviews. 15: 183-231.
2. Arora, R. and M.E. Wisniewski. 1994. Cold acclimation in genetically related (sibling) deciduous and evergreen peach (Prunus persica L.). II. A 60-kilodalton bark protein in cold-acclimated tissues of peach is heat stable and related to the dehydrins family of proteins. Plant. Physiol. 105: 95-101.
3. Arora, R., M.E. Wisniewski and R. Scorza. 1992. Cold acclimation in genetically related (sibling) deciduous and evergreen peach (*Prunus persica L.*). *I seasonal changes* in cold hardiness and polypeptides of bark and xylem tissues. Plant Physiol. 99:1562-1568.
4. Arora, R., L.J. Rowland and G.R. Panta. 1997. Chill-responsive dehydrins in blueberry: are they associated with cold hardiness or dormancy transitions? Physiol. Plant. 101: 8-16.
5. Baldini, E., G. Costa and S. Sansavini. 1977. A twelve year survey on various interstocks on Beurre Bosc, Beurre Anjou, Clapp's Favorite, and William pear trees on Quince A. Acta Hort. 69: 105-112.
6. Davarynejad,. GH. 2004. Compatible field performance of incompatible of pear Cvs. Natanz, Sebri and Shekari budded on Quince A rootstock. 8 th International symposium on integrating canopy rootstock and environmental physiology in orchard system. 13-18 June 2004, Budapest.
7. Gur, A., R.M. Samish and E. Lifshitz. 1968. The role of the cyanogenic glycoside of the quince in the incompatibility between pear cultivars and quince rootstocks. Hort. Res. 8: 113-134.
8. Hartman, H.T., D.E. Kester, F.T. Davies, Jr. and R.L. Geneve. 1997. The biology of grafting. In: Plant Propagation: Principles and Practices. (Eds.: H.T. Hartmann, D.E. Kester, F.T. Davies, Jr., and R.L. Geneve). Prentice-Hall, New Jersey, pp. 392-436. Howell, S.H.. 1998. Molecular Genetics of Plant Development. Cambridge University Press, 365 p.
9. Davarynejad G. H., Shahriari F. and H. Hassanpour 2008. Identification of Graft Incompatibility of Pear Cultivars on Quince Rootstock by Using Isozymes Banding Pattern and Starch. Asian Journal of Plant Sciences 7 (1): 109-112.
10. Huang, F.H., S. Tasai and R.C. Rom. 1984. An electrophoresis method for water-soluble protein of Prunus. Hort Science 19: 242-243.
11. Lachaund, S. 1975. Incompatibilit des greffes et vieillissement chez les v.g.taux. II. incompatibilit. des greffes et ses rapports avec le vieillissement. Ann.e Biol. 14: 97-128.

12. Lim, C.C., S.L. Krebs and R. Arora. 1999. A 25 kd dehydrin associated with genotype and age-dependent leaf freezing-tolerance in rhododendron: a genetic marker for cold hardiness? Theor. Appl. Genet. 99: 912-920.
13. Lombard, P.B. and M.N. Westwood. 1987. Pear rootstocks. In: Rootstocks for Fruit Crops. (Eds.: R.C. Rom and R.F. Carlson), John Wiley Sons & New York, pp. 145-184.
14. Masa, A. 1986. Study of the isoenzymatic structure of some Vitis vinifera varieties and rootstocks. Application to the biochemical determination of scion-rootstock affinity. Connaissance de la Vigne et du Vin, 20 (1): 1-15, Hort. Abs. 56: 7665 (1986).
15. Masa, A. 1989. Biochemical affinity between the scion cultivars albarino (Vitis vinifera L.) and different rootstocks. Connaissance de la Vigne et du Vin 23 (4): 207-214, Hort. Abs. 60: 8004 (1990).
16. Moore, R. 1983a. Physiological aspects of graft formation. In: Vegetative Compatibility Responses in Plants. (Ed.: R. Moore), Baylor Univ. Press, pp. 89-105.
17. Moore, R. 1983b. Studies on vegetative compatibility-incompatibility in higher plants. VI. Grafting of Sedum and Solanum callus tissue in vitro. Protoplasma, 115: 114-121.
18. Moore, R. and D.B. Walker. 1981 a. Studies on vegetative compatibility / incompatibility in higher plants. I. A structural study of a compatible autograph in Sedum telephoides (Crassulaceae). Am. J. Bot., 68: 820-830.
19. Moore, R. and D.B. Walker. 1981 b. Studies on vegetative compatibility / incompatibility in higher plants. II. A structural study of an incompatible heterograft between Sedum telephioides (Crassulaceae) and Solanum pennelli (Solanaceae). Am. J. Bot. 68: 831-842.
20. Moore, R. and D.B. Walker. 1981 c. Studies on compatibility / incompatibility in higher plants. III. The involvement of acid phosphates in the lethal cell senescence associated with an incompatible heterograft. Protoplasma 109: 317-334.
21. Moreno, M.A., J.P. Gaudillere and A. Moing. 1994. Protein and amino acid content in compatible and incompatible peach/plum grafts. J. Hort. Science 69: 955-962.
22. Ohta, Y. 1991. Graft-transformation, the mechanism for graft-induced genetic changes in higher plants. Euphytica 55: 91-99.
23. Santamour, F. S. Jr. 1988. Graft compatibility in woody plants: an expanded perspective. J. Environ. Hort. 6: 27-32.
24. Schmid, P.P.S. and W. Feucht. 1985. Compatibility in Prunus avium/Prunus cerasus grafting during the initial phase. III. Isoelectrofocusing of proteins, peroxides and acid phosphates during union formation. J. Hort. Science 60: 311-318.
25. Tukey, H.B. 1978. Dwarfing rootstocks for pear. In: Dwarfed Fruit Trees. (Ed.: H.B. Tukey). Cornell University Press, pp. 182-189.

Application of isolated protein as a marker for distinction of early incompatibility of pear cultivar on Quince A rootstock

H. Hassanpour – G.H. Davarynejad*1

Abstract

This research was conducted to investigate the distinction of early incompatibility, and to detect a polypeptide as a marker that would be associated with pear/quince compatibility/incompatibility. Bark samples were collected from 3 year-old pear scions grafted on QA and pear seedling rootstocks (PS). For determination of total soluble protein contents the Bradford assay was used. Profile protein of bark tissues of 4 pear scions, Passa Crassana (PC), Beurre Hardy (BH), Dargazi (D) and Bartlett (BT), were determined by using SDS-PAGE. The result showed that, the scions grafted on QA had greater total protein content than those on PS rootstock. The highest protein content was determined in BH/QA combination. However, no linear correlation was detected between total protein content and graft compatibility. In SDS-PAGE, the protein profiles of the scions were similar. However, a 63 KDa protein band determined in compatible pear scions (PC and BH) was faintly observed in an intermediate compatible scion (D), but was not detected in the incompatible scion (BT). In general the results indicated that this polypeptide could be used as a marker in determination of compatibility and the early distinction of incompatibility between pear cultivars on QA rootstock.

Key Words: Graft incompatibility, pear cultivar, quince A, protein, polypeptide

* Corresponding author Email: Davarnej@ferdowsi.um.ac.ir

1- Contribution from Ferdowsi University of Mashhad