

# ΔΙΑΔΑΚΤΟΡΙΚΗ ΔΙΑΤΡΙΒΗ

ΓΕΩΠΟΝΙΚΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΘΗΝΩΝ  
ΤΜΗΜΑ ΕΠΙΣΤΗΜΗΣ ΦΥΤΙΚΗΣ ΠΑΡΑΓΩΓΗΣ  
ΕΡΓΑΣΤΗΡΙΟ ΔΕΝΔΡΟΚΟΜΙΑΣ

**Μελέτη των παραγόντων ριζοβολίας  
σε φυλλοφόρα μοσχεύματα ελιάς  
με έμφαση στην ποικιλία «Καλαμών»**



Νικολέτα - Κλειώ Δεναζά

Μελέτη των παραγόντων ριζοβολίας σε μοσχεύματα ελιάς με έμφαση στην ποικιλία «Καλαμών»

ΜΕΛΕΤΗ: ΔΕΝΑΞΑ ΝΙΚΟΛΕΤΑ-ΚΛΕΙΩ

ΑΘΗΝΑ 2014

**ΓΕΩΠΟΝΙΚΟ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟ ΑΘΗΝΩΝ  
ΤΜΗΜΑ ΕΠΙΣΤΗΜΗΣ ΦΥΤΙΚΗΣ ΠΑΡΑΓΩΓΗΣ  
ΕΡΓΑΣΤΗΡΙΟ ΔΕΝΔΡΟΚΟΜΙΑΣ**

**Διδακτορική Διατριβή**

**Μελέτη των παραγόντων ριζοβολίας σε φυλλοφόρα μοσχεύματα  
ελιάς με έμφαση στην ποικιλία ‘Καλαμών’**

**ΔΕΝΑΞΑ ΝΙΚΟΛΕΤΑ-ΚΛΕΙΩ**

**Τριμελής Συμβουλευτική Επιτροπή**

**Επιβλέπων:**

Βέμμος Ν. Σταύρος – Αναπληρωτής Καθηγητής Γ.Π.Α.

**Μέλη:**

Ρούσσος Α. Πέτρος – Επίκουρος Καθηγητής Γ.Π.Α.

Καραμπουρνιώτης Γεώργιος – Καθηγητής Γ.Π.Α.

**Επταμελής Εξεταστική Επιτροπή**

Βέμμος Ν. Σταύρος – Αναπληρωτής Καθηγητής Γ.Π.Α.

Ρούσσος Α. Πέτρος – Επίκουρος Καθηγητής Γ.Π.Α.

Καραμπουρνιώτης Γεώργιος – Καθηγητής Γ.Π.Α.

Φασσέας Κωνσταντίνος – Καθηγητής Γ.Π.Α.

Τσαντίλη Ελένη – Αναπληρώτρια Καθηγήτρια Γ.Π.Α.

Βολουδάκης Ε. Ανδρέας – Επίκουρος Καθηγητής Γ.Π.Α.

Νάνος Δ. Γεώργιος – Αναπληρωτής Καθηγητής Π.Θ.

**ΑΘΗΝΑ 2014**



# Ευχαριστίες

Στην προσπάθεια για τη συγγραφή της παρούσας μελέτης, θα ήθελα πρωτίστως να ευχαριστήσω τον Επιβλέποντα Καθηγητή μου Δρ. Βέμμο Σταύρο, Αναπληρωτή Καθηγητή του Εργαστηρίου Δενδροκομίας και το μέλος της τριμελούς επιτροπής Δρ. Ρούσσο Πέτρο, Επίκουρο Καθηγητή του Εργαστηρίου Δενδροκομίας, για την εκτίμηση που έδειξαν στο πρόσωπό μου για την ανάθεση της παρούσας διδακτορικής διατριβής, καθώς και για την πολύτιμη βοήθεια που μου προσέφεραν κατά τη διεξαγωγή της. Επίσης, τους ευχαριστώ για τη διόρθωση του κειμένου, τις υποδείξεις και για όλες τις χρήσιμες συμβουλές τους.

Θα ήθελα επίσης να εκφράσω τις ευχαριστίες μου στο Δρ. Φασσέα Κωνσταντίνο, Καθηγητή του Εργαστηρίου Ηλεκτρονικής Μικροσκοπίας για την πολύτιμη βοήθειά του στη μελέτη της ανατομίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς. Ευχαριστώ επίσης θερμά τον Δρ. Βολουδάκη Ανδρέα, Επίκουρο Καθηγητή στο Εργαστήριο Βελτίωσης Φυτών, καθώς και την Υποψήφια Διδάκτορα Κουτσιουμάρη Ευαγγελία και τον Γεωπόνο M.Sc. Γ.Π.Α. Τσαφούρο Αθανάσιο για τη συμπαράσταση και τη βοήθειά τους κατά την απομόνωση γονιδίων διαφορετικά εκφραζόμενων στα φυλλοφόρα μοσχεύματα της ελιάς.

Επίσης, θα ήθελα να ευχαριστήσω θερμά τα μέλη της επταμελούς επιτροπής – τη Δρ. Τσαντίλη Ελένη, Αναπληρώτρια Καθηγήτρια Γ.Π.Α, τον Δρ. Καραμπουρνιώτη Γεώργιο, Καθηγητή Γ.Π.Α. και τον Δρ. Νάνο Γεώργιο, Αναπληρωτή Καθηγητή Π.Θ. – για τη διόρθωση και καλόβουλη κριτική της παρούσας μελέτης.

Θα ήθελα να εκφράσω πολλές και θερμές ευχαριστίες προς το συνάδελφο Γεωπόνο κ. Κωστελένο Γεώργιο (Φυτώρια Κωστελένου, Πόρος Τροιζηνίας) γιατί χωρίς την πολύτιμη βοήθειά του, την παροχή του πολλαπλασιαστικού υλικού, των εγκαταστάσεων του φυτωρίου και του ανθρώπινου δυναμικού θα ήταν αδύνατη η τόσο μεγάλης έκτασης υλοποίηση της παρούσας έρευνας. Επίσης, θα ήθελα να ευχαριστήσω όλο το ανθρώπινο δυναμικό (σημερινό αλλά και παρελθόντων ετών) του Εργαστηρίου Δενδροκομίας του Γ.Π.Α., για τη βοήθεια και συμπαράστασή του, ιδιαίτερα όμως την υποψήφια Διδάκτορα Καυκαλέτου Μήνα για τη συνεργασία, συμπαράσταση και βοήθειά της όπου και όποτε τη χρειάστηκα κατά την διάρκεια της εκπόνηση της διατριβής μου.



Τέλος, να ευχαριστήσω θερμά τους γονείς μου και το σύζυγό μου για την υπομονή και βοήθειά τους στη διεξαγωγή της παρούσας έρευνας καθώς και για την αμέριστη συμπαράσταση και πολύπλευρη στήριξή τους καθόλη τη διάρκεια της εκπόνησης της διδακτορικής διατριβής.

Δεναζά Νικολέτα-Κλειώ

Αθήνα, Μάϊος 2014

# Περιεχόμενα

<b>Γενική Περίληψη.....</b>	<b>13</b>
<b>Abstract.....</b>	<b>17</b>
<b>Γενική Εισαγωγή.....</b>	<b>23</b>
Προέλευση και Εξάπλωση της ελιάς.....	23
Οικονομική σημασία της ελαιοκαλλιέργειας για την Ελλάδα.....	24
Πολλαπλασιασμός της ελιάς.....	26
Πολλαπλασιασμός με φυλλοφόρα μοσχεύματα και παράγοντες που επηρεάζουν τη ριζοβολία τους .....	28
Αντικείμενο της έρευνας.....	29
Καινοτομία της παρούσας ερευνητικής εργασίας .....	31
Βιβλιογραφία.....	33
<b>Μέρος Πρώτο - Μελέτη της επίδρασης των αυξινών, του υποστρώματος και της εποχής φύτευσης στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....</b>	<b>35</b>
Περίληψη.....	37
1. Εισαγωγή.....	39
2. Υλικά και Μέθοδοι.....	44
2.1 Εισαγωγή.....	44
2.2 Φυτικό Υλικό.....	44
2.3 Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων.....	46
2.4 Μετρήσεις που πραγματοποιήθηκαν.....	47
2.5 Πειραματικό σχέδιο και στατιστική ανάλυση.....	47
3. Αποτελέσματα.....	48
3.1 Επίδραση της εποχής στο ποσοστό ριζοβολίας.....	48
3.2 Επίδραση του υποστρώματος στη ριζοβολία.....	49
3.3 Επίδραση της ποικιλίας στη ριζοβολία.....	53
3.4 Επίδραση των ορμονών και των διαφόρων συγκεντρώσεων αυτών στη ριζοβολία φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....	54
4. Συζήτηση.....	59
5. Συμπεράσματα.....	64
6. Βιβλιογραφία.....	65

<b>Μέρος Δεύτερο - Διερεύνηση του ρόλου των βιοχημικών παραγόντων στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....</b>	<b>71</b>
Κεφάλαιο 1 - Ο ρόλος των υδατανθράκων στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....	73
Περίληψη.....	73
1. Εισαγωγή.....	75
2. Υλικά και Μέθοδοι.....	79
2.1 Φυτικό υλικό - Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων.....	79
2.2 Πειραματικό σχέδιο.....	80
2.3 Μετρήσεις που πραγματοποιήθηκαν.....	80
2.4 Δειγματοληψία μοσχευμάτων για τη μέτρηση των υδατανθράκων.....	81
2.5 Βιοχημικές αναλύσεις.....	82
2.5.1 Πειραματικές μέθοδοι.....	82
2.6 Εκχύλιση και ανάλυση διαλυτών σακχάρων.....	83
2.7 Εκχύλιση και μέτρηση του αμύλου.....	84
2.8 Στατιστική ανάλυση.....	84
3. Αποτελέσματα.....	86
3.1 Επίδραση των ορμονών στη ριζοβολία.....	86
3.2 Αρχική συγκέντρωση υδατανθράκων.....	89
3.3 Μεταβολές στη συγκέντρωση των υδατανθράκων στην πορεία της ριζοβολίας.....	92
3.3.1 Καλοκαίρι.....	92
3.3.2 Φθινόπωρο.....	98
3.3.3 Άνοιξη.....	103
4. Συζήτηση.....	108
5. Συμπεράσματα.....	112
6. Βιβλιογραφία.....	113
Κεφάλαιο 2 - Ο ρόλος των πολυαμινών στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....	117
Περίληψη.....	117
1. Εισαγωγή.....	119
2. Υλικά και Μέθοδοι.....	122
2.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και δειγματοληψία μοσχευμάτων για τη μέτρηση των πολυαμινών.....	122
2.2 Εκχύλιση και ανάλυση των πολυαμινών.....	122
2.3 Στατιστική ανάλυση.....	124

3. Αποτελέσματα.....	125
3.1 Αρχική συγκέντρωση πολυαμινών.....	125
3.2 Συγκέντρωση ολικών πολυαμινών στην πορεία της ριζοβολίας.....	128
3.2.1 Καλοκαίρι.....	128
3.2.2 Φθινόπωρο.....	131
3.2.3 Άνοιξη.....	133
4. Συζήτηση.....	137
5. Συμπεράσματα.....	141
6. Βιβλιογραφία.....	142
Κεφάλαιο 3 - Ο ρόλος των ενζύμων στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....	145
Περίληψη.....	145
1. Εισαγωγή.....	147
2. Υλικά και Μέθοδοι.....	150
2.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και δειγματοληψία μοσχευμάτων για τη μέτρηση των ενζύμων.....	150
2.2 Μέθοδος εκχύλισης των πρωτεϊνών.....	150
2.3 Μέτρηση ολικού πρωτεϊνικού περιεχομένου με τη μέθοδο Bradford.....	151
2.4 Μέτρηση της ενεργότητας των ενζύμων.....	151
2.4.1 Πολυφαινολοξειδάση.....	151
2.4.2 Υπεροξειδάση της γουαϊακόλης ( <i>guaiacol</i> ).....	151
2.4.3 Οξειδάση του ινδολυλοζικού οξέος.....	152
2.5 Στατιστική ανάλυση.....	152
3. Αποτελέσματα.....	153
3.1 Αρχική ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase.....	153
3.2 Ενεργότητα ενζύμων στην πορεία της ριζοβολίας.....	154
3.2.1 Καλοκαίρι.....	154
3.2.2 Φθινόπωρο.....	156
3.2.3 Άνοιξη.....	159
4. Συζήτηση.....	163
5. Συμπεράσματα.....	168
6. Βιβλιογραφία.....	169
Κεφάλαιο 4 - Ο ρόλος των φαινολικών ουσιών στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....	173
Περίληψη.....	173

1. Εισαγωγή.....	175
2. Υλικά και Μέθοδοι.....	180
2.1 Εκχύλιση και μέτρηση των φαινολικών ουσιών.....	180
2.2 Μέθοδος προσδιορισμού ολικών φαινολικών ενώσεων στο εκχύλισμα.....	181
2.3 Μέθοδος προσδιορισμού ολικών ο-διφαινολών στο εκχύλισμα.....	181
2.4 Μέθοδος προσδιορισμού ολικών φλαβονοειδών στο εκχύλισμα.....	182
2.5 Μέθοδος προσδιορισμού ολικών φλαβονολών στο εκχύλισμα.....	182
2.6 Μέθοδος προσδιορισμού μεμονομένων φαινολικών ενώσεων με τη χρήση της υγρής χρωματογραφίας υψηλής πίεσεως (HPLC).....	183
2.7 Στατιστική ανάλυση.....	185
3. Αποτελέσματα.....	186
3.1 Αρχική συγκέντρωση φαινολικών ενώσεων.....	186
3.2 Συγκέντρωση ολικών και μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στην πορεία της ριζοβολίας.....	192
3.2.1 Καλοκαίρι.....	192
3.2.2 Φθινόπωρο.....	201
3.2.3 Άνοιξη.....	211
4. Συζήτηση.....	220
5. Συμπεράσματα.....	226
6. Βιβλιογραφία.....	227
<b>Μέρος Τρίτο - Διερεύνηση του ρόλου της εξωγενούς εφαρμογής χλωρογενικού οξέος και διαφόρων άλλων σκευασμάτων στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ .....</b>	<b>231</b>
Περίληψη.....	233
1. Εισαγωγή.....	235
2. Υλικά και Μέθοδοι.....	239
2.1 Πείραμα Α.....	239
2.1.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και φυτικό υλικό.....	239
2.1.2 Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων.....	239
2.1.3 Μετρήσεις.....	240
2.1.4 Πειραματικό σχέδιο και στατιστική ανάλυση.....	241
2.2 Πείραμα Β.....	241
2.2.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και φυτικό υλικό.....	241
2.2.2 Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων.....	242
2.2.3 Μετρήσεις.....	242



2.2.4 Πειραματικό σχέδιο και στατιστική ανάλυση.....	243
2.3 Πείραμα Γ.....	243
2.3.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και φυτικό υλικό.....	243
2.3.2. Πειραματικό σχέδιο.....	244
2.3.3.Βιοχημικές αναλύσεις και μετρήσεις.....	244
2.3.3.1 Μετρήσεις ποσοστών ριζοβολίας.....	244
2.3.3.2 Δειγματοληψία μοσχευμάτων για τη μέτρηση βιοχημικών παραγόντων.....	244
2.3.3.3 Βιοχημικές αναλύσεις που πραγματοποιήθηκαν.....	244
2.3.4 Στατιστική ανάλυση.....	245
3. Αποτελέσματα.....	246
3.1 Πείραμα Α.....	246
3.2 Πείραμα Β.....	250
3.3 Πείραμα Γ.....	252
3.3.1 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη ριζοβολία.....	252
3.3.2 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη συγκέντρωση των υδατανθράκων.....	252
3.3.3 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στην ενεργότητα των ενζύμων.....	256
3.3.4 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη συγκέντρωση των φαινολικών ενώσεων.....	258
3.3.5 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ενώσεων.....	260
3.3.6 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη συγκέντρωση των πολυαμινών.....	265
4. Συζήτηση.....	267
5. Συμπεράσματα.....	273
6. Βιβλιογραφία.....	274
<b>Μέρος Τέταρτο - Ανατομική και μοριακή θεώρηση της ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....</b>	<b>279</b>
Κεφάλαιο 1 - Ανατομική θεώρηση της ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.....	281
Περίληψη.....	281
1. Εισαγωγή.....	283
2. Υλικά και Μέθοδοι.....	286
2.1 Φυτικό υλικό και δειγματοληψία.....	286
2.2 Ανατομικές παρατηρήσεις.....	286
3. Αποτελέσματα.....	287
3.1 Παρατηρήσεις στο στερεοσκόπιο.....	287

3.2 Παρατηρήσεις στο οπτικό μικροσκόπιο.....	288
3.2.1 Σύγκριση ποικιλιών στις διάφορες πειραματικές περιόδους.....	288
3.2.2 Ανατομικές αλλαγές κατά τη ριζογένεση.....	291
A. Ποικιλία ‘Arbequina’.....	291
B. Ποικιλία ‘Καλαμών’.....	293
4. Συζήτηση.....	295
5. Βιβλιογραφία.....	298
Κεφάλαιο 2 – Διαφορική έκφραση γονιδίων σε μοσχεύματα ελιάς των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’.....	301
Περίληψη.....	301
1. Εισαγωγή.....	303
1.1 Ο Κατασταλτικός Αφαιρετικός Υβριδισμός (Κ.Α.Υ.) .....	305
2. Υλικά και Μέθοδοι.....	308
2.1 Φυτικό υλικό – Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων – Δειγματοληψία.....	308
2.2 Απομόνωση ολικού RNA από βλαστό ελιάς.....	308
2.3 Ποσοτικός και ποιοτικός προσδιορισμός του ολικού RNA.....	310
2.4 Ανάλυση για επιμόλυνση DNA στα δείγματα RNA.....	310
2.4.1 Εκκινητές που χρησιμοποιήθηκαν στην παρούσα μελέτη.....	310
2.4.2 RT-PCR σύμφωνα με την SuperScript για το NADH (γονίδιο μάρτυρας).....	311
2.4.3 PCR σύμφωνα με την SuperScript για το NADH.....	311
2.5 Σύνθεση της πρώτης αλυσίδας του cDNA (First-Strand cDNA synthesis) σύμφωνα με το SMARTer PCR cDNA Synthesis Kit (Clontech).....	312
2.6 Ενίσχυση της αλυσίδας του cDNA (cDNA Amplification by LD PCR) σύμφωνα με το SMARTer PCR cDNA Synthesis Kit.....	313
2.7 Πέψη του cDNA με το ένζυμο περιορισμού RsaI.....	315
2.8 Καθαρισμός μετά από πέψη του cDNA με το ένζυμο περιορισμού RsaI.....	315
2.9 Συγκόλληση των προσαρμοστών (Adaptor Ligation) στα τμήματα του cDNA του tester.....	316
2.10 Πρώτος Υβριδισμός του Κ.Α.Υ. ....	317
2.11 Δεύτερος Υβριδισμός του Κ.Α.Υ. ....	318
2.12 Ενίσχυση με PCR των προϊόντων του Κ.Α.Υ. ....	319
2.13 Ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της πρώτης και της δεύτερης PCR του Κ.Α.Υ. ....	320
2.14 Κλωνοποίηση των προϊόντων του Κ.Α.Υ. ....	320
2.15 Κατασκευή των αφαιρετικών cDNA βιβλιοθηκών.....	323
2.16 Αλληλούχηση.....	325

2.17 Επεξεργασία των αλληλουχιών.....	326
<b>3. Αποτελέσματα.....</b>	<b>328</b>
3.1 Επίδραση των ορμονών στη ριζοβολία.....	328
3.2 Αποτελέσματα κατασταλτικού αφαιρετικού υβριδισμού.....	328
3.3 Κλωνοποίηση προϊόντων PCR του K.A.Y. ....	329
3.4 Κατασκευή των αφαιρετικών cDNA βιβλιοθηκών.....	330
3.5 Επεξεργασία και ανάλυση αποκτηθέντων αλληλουχιών.....	331
3.6 Επεξεργασία των αλληλουχιών με το λογισμικό BLAST2GO.....	356
<b>4. Συζήτηση.....</b>	<b>362</b>
4.1 Αλληλουχίες της ‘εν. Arbequina’ - Σύγκριση με βιβλιοθήκες DNA (γενωματικές).....	362
4.2 Αλληλουχίες της ‘εν. Arbequina’ - Σύγκριση με βιβλιοθήκες ESTs.....	368
4.3 Αλληλουχίες της ‘εν. Καλαμών’ - Σύγκριση με βιβλιοθήκες DNA (γενωματικές) .....	369
4.4 Αλληλουχίες της ‘εν. Καλαμών’ - Σύγκριση με βιβλιοθήκες ESTs.....	373
<b>5. Βιβλιογραφία.....</b>	<b>375</b>
<b>Γενικά Συμπεράσματα.....</b>	<b>387</b>
<b>Παραρτήματα.....</b>	<b>393</b>
Παράρτημα Α.....	395
Παράρτημα Β.....	397
Παράρτημα Γ.....	*
Παράρτημα Δ.....	*
Κατάλογος Πινάκων.....	401
Κατάλογος Σχεδιαγραμμάτων.....	407
Κατάλογος Εικόνων.....	413
Κατάλογος Σχημάτων.....	415

\*Περιέχονται σε cd



# Γενική Περίληψη

Τα φυλλοφόρα μοσχεύματα είναι σήμερα ο επικρατέστερος τρόπος αγενούς πολλαπλασιασμού της ελιάς σε παγκόσμιο επίπεδο. Όμως, η ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων διαφέρει σημαντικά μεταξύ των ποικιλιών. Η ‘Καλαμών’ μία από τις καλύτερες επιτραπέζιες ποικιλίες στον κόσμο παρουσιάζει μικρά έως μηδενικά ποσοστά ριζοβολίας. Αντικείμενο της παρούσας ερευνητικής εργασίας ήταν η μελέτη των φυσιολογικών, βιοχημικών, γενετικών και ανατομικών παραγόντων που επηρεάζουν την ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας αυτής σε σύγκριση με την ποικιλία ‘Arbequina’, η οποία συγκαταλέγεται στις εύκολα ριζοβολούντες ποικιλίες. Όλα τα πειράματα διεξήχθησαν στη μονάδα υδρονέφωσης των φυτωρίων Κωστελένου στον Πόρο Τροιζηνίας, ενώ οι σχετικές αναλύσεις έγιναν στα Εργαστήρια Δενδροκομίας, Ηλεκτρονικής Μικροσκοπίας και Βελτίωσης Φυτών και Γεωργικού Πειραματισμού του Γεωπονικού Πανεπιστημίου Αθηνών.

Στο πρώτο μέρος της διατριβής, μελετήθηκε η επίδραση του υποστρώματος, των αυξινών και της εποχής, στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων τριών ποικιλιών ελιάς (‘Καλαμών’, ‘Μαστοειδής’ και ‘Arbequina’). Τα πειράματα διεξήχθησαν το καλοκαίρι και το φθινόπωρο του 2008 και χρησιμοποιήθηκαν δύο αυξίνες, το ινδολοβουτυρικό οξύ (IBA) και το α-ναφθαλινοξικό οξύ (α-NAA) σε διάφορες συγκεντρώσεις καθώς και συνδυασμοί αυτών, σε δύο υποστρώματα ριζοβολίας (οργανικό και τύρφη-περλίτη). Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι το οργανικό υπόστρωμα έδωσε το υψηλότερο ποσοστό ριζοβολίας και αριθμό ριζών σε σύγκριση με την τύρφη-περλίτη για όλες τις ποικιλίες. Η ‘Arbequina’ έδωσε τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας (μέχρι 96%), ακολούθησε η ‘Μαστοειδής’ με 60% και η ‘Καλαμών’ με 2-3%. Οι ποικιλίες ‘Arbequina’ και ‘Μαστοειδής’ ριζοβόλησαν σε υψηλότερο ποσοστό το φθινόπωρο. Το IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> προώθησε καλύτερα τη ριζοβολία στις ποικιλίες ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’, ενώ στη ‘Μαστοειδής’ το NAA σε συγκέντρωση 1000 mg L<sup>-1</sup>.

Στο δεύτερο μέρος της διατριβής, μελετήθηκε η επίδραση του IBA, της ποικιλίας και της συγκέντρωσης των ενδογενών υδατανθράκων, πολυαμινών και φαινολικών ενώσεων, καθώς και η ενεργότητα των ενζύμων στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς σε τρεις περιόδους (καλοκαίρι, φθινόπωρο και άνοιξη, 2009-2010). Χρησιμοποιήθηκαν μοσχεύματα των ποικιλιών ‘Arbequina’ και



‘Καλαμών’ με μήκος περίπου 7 cm, διάμετρο 5 mm και 4 φύλλα. Στη βάση τους εφαρμόστηκε IBA 2000 mg L<sup>-1</sup>. Στο τέλος της περιόδου ριζοβολίας μετρήθηκε το ποσοστό των μοσχευμάτων που ριζοβόλησαν ή σάπισαν ή σχημάτισαν κάλλο. Για τη μέτρηση των διαφόρων βιοχημικών παραγόντων έγινε δειγματοληψία της βάσης των μοσχευμάτων στην αρχή και στην περίοδο των πρώτων δεκαπέντε ημερών της ριζοβολίας.

Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι η εξωγενής εφαρμογή IBA προώθησε τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ αλλά όχι στην ‘Καλαμών’ (ποσοστό ριζοβολίας 1-3%). Το υψηλότερο ποσοστό ριζοβολίας της ‘Arbequina’ (76%) επιτεύχθηκε το καλοκαίρι. Τα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ παρουσίασαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερες αρχικές, αλλά και στην πορεία της ριζοβολίας συγκεντρώσεις σταχυόζης, ραφινόζης, σακχαρόζης, γλυκόζης, μαννιτόλης, ολικών σακχάρων, ελεύθερων και ολικών πολυαμινών από αυτά της ‘Καλαμών’ καθώς και χλωρογενικού οξέος και άλλων φαινολικών ουσιών. Αντίθετα, τα μοσχεύματα της ‘Καλαμών’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση φρουκτόζης, αμύλου, βερμπασκοζίτη, ελευρωπαϊνης και υψηλότερη ενεργότητα υπεροξειδάσης (POD), πολυφαινολοξειδάσης (PPO) και οξειδάσης του ινδολοξικού (IAA oxidase), σε σχέση με την ‘Arbequina’.

Στατιστικά σημαντική θετική συσχέτιση βρέθηκε μεταξύ της ριζοβολίας της ‘Arbequina’ και των αρχικών συγκεντρώσεων της γλυκόζης, της φρουκτόζης, των ολικών σακχάρων, της υδροξυτυροσόλης, της τυροσόλης, του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και της λουτεολίνης. Αντίθετα, βρέθηκε στατιστικά σημαντική αρνητική συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας της ‘Arbequina’ και της αρχικής συγκέντρωσης της ραφινόζης, της σακχαρόζης, του αμύλου και των ολικών φαινολικών ενώσεων. Στην ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε η ύπαρξη θετικής συσχέτισης μεταξύ της ριζοβολίας και της αρχικής συγκέντρωσης των ολικών ο-διφαινολών, του βερμπασκοζίτη και της ελευρωπαϊνης, ενώ αρνητική ήταν με την αρχική συγκέντρωση της ραφινόζης, της φρουκτόζης και των ολικών φλαβονοειδών. Συμπεραίνεται ότι η εποχική διακύμανση της ριζοβολίας της ‘Arbequina’ πιθανόν σχετίζεται με τις ταυτόχρονες αλλαγές στις συγκεντρώσεις των υδατανθράκων στα μοσχεύματα αυτής. Οι πολυαμίνες και ιδίως στην ελεύθερή τους μορφή εμπλέκονται στη ριζογένεση στα μοσχεύματα της ελιάς. Επιπλέον, οι φαινολικές ουσίες φαίνεται να δρουν ως πιθανοί συνεργιστές της

ριζοβολίας. Η υψηλότερη ενεργότητα όλων των ενζύμων στην ποικιλία ‘Καλαμών’ πιθανόν να παίζει σημαντικό ρόλο στην παρεμπόδιση της ριζοβολίας της.

Με βάση τα πιο πάνω αποτελέσματα, στο τρίτο μέρος της διατριβής μελετήθηκε η επίδραση του εξωγενούς χλωρογενικού οξέος (CGA) και άλλων ουσιών στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ‘Καλαμών’. Για το σκοπό αυτό πραγματοποιήθηκαν τρία πειράματα ριζοβολίας (2010-2012). Στο πρώτο πείραμα χρησιμοποιήθηκαν μοσχεύματα των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’, ενώ στα άλλα δύο μόνο της ‘Καλαμών’. Στο τρίτο πείραμα εκτός από τα ποσοστά ριζοβολίας, μετρήθηκαν οι συγκεντρώσεις των διαλυτών σακχάρων, των φαινολικών ενώσεων, των πολυαμινών και η ενεργότητα ορισμένων ενζύμων στη βάση των μοσχευμάτων. Τα αποτελέσματα του πρώτου πειράματος έδειξαν ότι η καλύτερη περίοδος για ριζοβολία της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ήταν το φθινόπωρο, ενώ τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ ριζοβόλησαν σε υψηλά ποσοστά και τις δύο εποχές (καλοκαίρι και φθινόπωρο). Η εφαρμογή 10 mM πουτρεσκίνης ή 10 mM CGA ή ρουτίνης στο υπόστρωμα έδωσαν τα καλύτερα αποτελέσματα ριζοβολίας στην ‘Arbequina’ (μέχρι 100%). Στην ποικιλία ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε σημαντική αύξηση της ριζοβολίας σε ποσοστό 25% (δηλαδή 400% αύξηση σε σχέση με το IBA 2000 mg L<sup>-1</sup>) κατόπιν εφαρμογής 0,1 mM CGA για 30 min.

Στο δεύτερο πείραμα η ‘Καλαμών’ έδωσε πάλι το υψηλότερο ποσοστό ριζοβολίας το φθινόπωρο. Η εφαρμογή CGA για 30 min ανεξαρτήτου συγκέντρωσης αύξησε σημαντικά τη ριζοβολία, με τη συγκέντρωση των 0,1 mM να εμφανίζει το υψηλότερο ποσοστό (25%). Τα αποτελέσματα του τρίτου πειράματος έδειξαν ότι τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με 0,1 mM CGA είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση μεμονωμένων σακχάρων και αμύλου σε σχέση με αυτά του μάρτυρα. Το CGA αύξησε επίσης τη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων, ολικών ο-διφαινολών, ολικών φλαβονοειδών, ολικών φλαβονολών, ολικής πουτρεσκίνης, ολικής σπερμιδίνης καθώς και την ολική συγκέντρωση των πολυαμινών σε σχέση με το μάρτυρα. Αντίθετα, τα ίδια μοσχεύματα είχαν μειωμένη ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase. Συμπεραίνεται, ότι η εφαρμογή εξωγενώς του CGA μπορεί να προωθήσει τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ‘Καλαμών’. Η δράση του μάλιστα σχετίζεται εκτός των άλλων και με την επίδρασή του στα ενδογενή επίπεδα των διαλυτών σακχάρων, των φαινολικών ενώσεων, των πολυαμινών και την ενεργότητα των ενζύμων.

Στο τέταρτο μέρος της εργασίας, μελετήθηκαν οι ανατομικές διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών ελιάς και προσδιορίστηκαν τα σημεία έναρξης της ριζοβολίας με τη χρήση του οπτικού μικροσκοπίου. Οι παρατηρήσεις έδειξαν ότι μεταξύ των δύο ποικιλιών υπήρχαν ανατομικές διαφορές. Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ ο σκληρεγχυματικός δακτύλιος εμφανίζει σε αρκετά σημεία κενά όπως και το φλοιώδες παρέγχυμα, σε αντίθεση με την ποικιλία ‘Καλαμών’ όπου ο σκληρεγχυματικός δακτύλιος ήταν συνεχής και το φλοιώδες παρέγχυμα συμπαγές. Επίσης, βρέθηκε ότι και στις δύο ποικιλίες η θέση έναρξης σχηματισμού του ριζικού αρχηγόνου ήταν από κύτταρα του καμβίου. Συμπεραίνεται ότι η ριζογένεση στην ποικιλία ‘Καλαμών’ καθορίζεται γενετικά και εξαρτάται κυρίως από φυσιολογικούς και βιοχημικούς παράγοντες. Πρόσθετα όμως, η ανατομία των βλαστών της μπορεί να επηρεάζει αρνητικά τη ριζοβολία της. Ειδικότερα, η ύπαρξη συνεχούς σκληρεγχυματικού δακτύλιου και το συμπαγές φλοιώδες παρέγχυμα μπορεί να δυσχεραίνουν την απορρόφηση της αυξίνης και επομένως τη δράση της στο σχηματισμό των ριζικών καταβολών.

Τέλος, μελετήθηκε σε μοριακό επίπεδο η ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς μέσω της απομόνωσης και της ανάλυσης γονιδίων διαφορετικά εκφραζόμενων σε μοσχεύματα που ριζοβολούν εύκολα και σε μοσχεύματα που ριζοβολούν δύσκολα, με την τεχνική του Κατασταλτικού Αφαιρετικού Υβριδισμού. Πραγματοποιήθηκαν δύο μοριακές αφαιρέσεις (‘Arbequina’-‘Καλαμών’ και ‘Καλαμών’-‘Arbequina’) και κατασκευάστηκαν δύο αφαιρετικές cDNA βιβλιοθήκες, όπου η μία περιλαμβάνει τα γονίδια που εκφράζονται στην ‘Arbequina’ και δεν εκφράζονται στην ‘Καλαμών’ και η άλλη περιλαμβάνει τα γονίδια που εκφράζονται στην ‘Καλαμών’ και δεν εκφράζονται στην ‘Arbequina’. Τα αποτελέσματα υποδεικνύουν ότι τα απομονωθέντα τμήματα cDNA διαφορετικά εκφραζόμενων γονιδίων είναι ομόλογα με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνες και ένζυμα τα οποία εμπλέκονται στους μηχανισμούς άμυνας των φυτών, στο μεταβολισμό των υδατανθράκων και των λιπαρών οξέων, στη βιοσύνθεση των φαινυλοπροπανοειδών, στην οργανογένεση, στην κυτταροδιαίρεση, στη διαφοροποίηση των κυττάρων, στη βιοσύνθεση και τον καταβολισμό του ινδολοξικού οξέως (IAA) κ.ά. Τα γονίδια αυτά που εντοπίστηκαν, είτε όταν εκφράζονται είτε όταν καταστέλλεται η έκφρασή τους, ενδεχομένως να σχετίζονται με ορισμένες από τις φυσιολογικές και βιοχημικές διεργασίες της ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς.

# Abstract

Vegetative propagation of olive (*Olea europaea* L.) is performed by rooting leafy cuttings. However, there are great differences in the rooting potential among olive cultivars (cvs). The cv 'Kalamata', one of the world's best table olive variety, has low to almost zero rooting percentages. The objectives of this study were to examine the effect of physiological, biochemical, anatomical and molecular factors in the rooting potential of 'Kalamata' cuttings in relation to the easy-to-root cv 'Arbequina'. The rooting experiments were conducted in a mist propagation unit at Kostelenos nurseries, located in Troizinia area (Poros), Greece, while the analysis of samples was carried out in the laboratories of Pomology, Electron Microscopy and Plant Breeding and Biometry of the Agricultural University of Athens, Greece.

In the first part of the thesis, the effect of rooting substrate, auxin and the season on rooting ability of olive cuttings of three cvs ('Arbequina', 'Kalamata' and 'Mastoidis') was studied. The rooting experiments were conducted in the summer and autumn (2008) with two auxins, namely indole-butyric acid (IBA) and  $\alpha$ -naphthaleneacetic acid ( $\alpha$ -NAA), at different concentrations and combinations in two rooting substrates. The results showed that the cuttings of all cvs rooted better in the organic substrate, with a higher number of roots compared to peat-perlite substrate. The cv 'Arbequina' gave the highest rooting (up to 96%), followed by cv 'Mastoidis' with 60% and 'Kalamata' with 2.3%. 'Arbequina' and 'Mastoidis' rooted at a higher percentage in the fall. Exogenous application of IBA at 2000 mg L<sup>-1</sup> significantly increased the % rooting of cuttings in 'Arbequina' and 'Kalamata', while in 'Mastoidis', NAA at 1000 mg L<sup>-1</sup> gave better results.

In the second section of this study, the objectives were to examine the effect of cultivar, IBA, endogenous carbohydrates, polyamines and phenolic compounds, as well as the activity of enzymes on the rooting ability of olive cuttings in three seasons (summer, autumn and spring, 2010-2011). The selected cvs were 'Arbequina' and 'Kalamata'. Sub-apical leaf bearing cuttings 7-10 cm long and about 5 mm in diameter were cut having four leaves. The base of each cutting was treated for 5 sec with 2000 mg L<sup>-1</sup> IBA. At the end of the rooting period (3 months after planting), the percentage of rooted cuttings, the number of cuttings with callus and the number of

rotten cuttings were recorded. For the measurement of various biochemical factors, subsamples of the base of cuttings were taken just before planting (day 0) and in the course of 15 days of rooting (1, 3, 5, 7 and 15 days after planting).

The results showed that the exogenous application of IBA at 2000 mg L<sup>-1</sup> significantly increased the rooting percentage in the easy-to-root cv 'Arbequina'. However, in the root recalcitrant cv 'Kalamata', IBA treatment was ineffective (1-3 % rooting). Rooting percentage of 'Arbequina' cuttings was highest in summer (76%). The concentrations of stachyose, sucrose, glucose, mannitol and total sugars, as well as free and conjugated polyamines, chlorogenic acid and other phenolic compounds, were significantly higher in 'Arbequina' as compared to 'Kalamata', both initially and during the 15 days of rooting. On the other hand, 'Kalamata' had significantly higher fructose, starch, verbascoside and oleuropein concentrations, as well as higher polyphenoloxidase (PPO), peroxidase (POD) and IAA oxidase activity.

A positive correlation was found between rooting percentage and initial glucose, fructose, total concentrations of sugar, initial hydroxytyrosol, tyrosol, 7-luteolin glucoside and luteolin in cv 'Arbequina'. On the other hand, a negative correlation was found between the initial concentrations of raffinose, sucrose, starch, total phenols and rooting percentage in 'Arbequina' cuttings. Furthermore, in 'Kalamata', a positive correlation was found between the initial concentrations of verbascoside, oleuropein, total *o*-diphenols and rooting percentage, while a negative correlation was found between the initial concentrations of raffinose, fructose or total flavonoids and rooting percentage. It is concluded that the seasonal variation in rooting of cv 'Arbequina' is possibly related to simultaneous changes in the carbohydrate concentrations. Furthermore, the results of the present study demonstrate the essential role of polyamines, especially in their free form, for root formation in olive cuttings, as well as the role of phenolic compounds as cofactors in the rooting process. Finally, the highest enzyme activity (PPO, POD and IAA oxidase) observed in cv 'Kalamata' is likely to inhibit root initiation and formation in these cuttings.

Based on the results above, the third part of the thesis studied the effect of exogenously applied chlorogenic acid (CGA) and other substances on the rooting ability of 'Kalamata' cuttings. For this purpose, three rooting experiments were performed (2010-2012). In the first experiment, the selected cvs were 'Arbequina' and



'Kalamata', while in the second and third experiment the selected cuttings were only from cv 'Kalamata'. Furthermore in the third experiment, apart from rooting percentages, the concentrations of soluble sugars, phenolic compounds, polyamines and the activity of certain enzymes in the base of the cuttings, were also studied. The results of the first experiment showed that the best period for rooting of both cvs is autumn. In 'Arbequina' cuttings, highest rooting percentage (100%) was observed for the exogenous application of 10 mM putrescine, of 10 mM CGA, and with the application of rutin in the rooting medium, while in 'Kalamata' the exogenous application of 0.1 mM CGA for 30 minutes significantly increased the rooting percentage up to 25%.

In the second experiment, cv 'Kalamata' again rooted better in autumn. The exogenous application of CGA for 30 minutes, regardless of concentration, significantly increased the rooting, with 0.1 mM being the best concentration for rooting (25%). Finally, the results of the third experiment showed that treatment with 0.1 mM CGA led to significantly higher concentrations of total sugars and starch compared to the control cuttings. Similarly, CGA application significantly increased the concentrations of total phenols, total *o*-diphenols, total flavonoids, total flavanols, total putrescine and total spermidine, as well as the concentration of total polyamines compared to control. However, the activity of PPO, POD and IAA oxidase decreased in these cuttings. Therefore, it could be concluded that the exogenous application of 0.1 mM CGA appears to promote the rooting of 'Kalamata' cuttings (up to 400% compared to IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> alone) and its action is related, among others, with its effect on the endogenous levels of soluble sugars, phenolic compounds, polyamines and with the activity of the above mentioned enzymes.

The objectives of the fourth part of this study were to examine the anatomical differences between the cvs 'Kalamata' and 'Arbequina' and to identify the sites of initiation of root primordia with the use of light microscopy. The histological sections of basal stem segments showed that there are differences in the anatomy between the two cvs. 'Kalamata' cuttings had a continuous sclerenchyma ring and denser cortex, while 'Arbequina' cuttings are characterized by discontinuity of the sclerenchyma ring and intercellular spaces in the cortex. Furthermore, the anatomical observations showed that the sites of root initiation in both cvs originate from cells in the cambium

region. It is concluded that the rooting process in 'Kalamata' is genetically determined and depends mainly on physiological and biochemical factors.

Additionally, the shoot anatomy may adversely affect the rooting of 'Kalamata' cuttings. In particular, the continuous sclerenchyma ring as well as the denser cortex may hinder the absorption of auxin and thus its effect on the formation of root initials.

The rooting of olive cuttings was studied at the molecular level *via* the isolation and identification of differentially expressed genes in an easy-to-root and a root recalcitrant olive cv by the technique of suppression subtractive hybridization (SSH). Two cDNA libraries were constructed ('Arbequina'-'Kalamata' and 'Kalamata'-'Arbequina'). The first library containing the clones of genes expressed in 'Arbequina' but not in 'Kalamata' whereas the second the clones of genes expressed in 'Kalamata', but not in 'Arbequina'. The results obtained indicate genes that encode proteins and enzymes which are involved in plant defence mechanisms, carbohydrate and fatty acid metabolism, phenylpropanoid biosynthesis, organogenesis, cell division and differentiation, biosynthesis and catabolism of indoleacetic acid etc. The expression or gene expression suppression of identified genes possibly could be associated with some physiological processes involved in the rhizogenesis of olive leafy cuttings.



*Olea europaea* L.



# Γενική Εισαγωγή

## Προέλευση και εξάπλωση της ελιάς

Η ιστορία της ελιάς ως σύμβολο της μακροβιότητας, της υπομονής, της σταθερότητας και της αντοχής ξεκινάει πολύ πριν ανακαλυφθεί η γραφή. Οι απαρχές της ελαιοκαλλιέργειας τοποθετούνται στο χρονικό ορίζοντα της λεγόμενης Πρώιμης Χαλκοκρατίας δηλαδή την 3<sup>η</sup> χιλιετία π.Χ. (Bartolucci και Dhakal, 1999; Fabbri et al., 2004). Χώρος καταγωγής της ελιάς θεωρείται η ευρύτερη γεωγραφική περιοχή που ορίζεται από τις ακτές της Ανατολικής Μεσογείου, τη Μέση Ανατολή, το Ιράν και τους πρόποδες του Νότιου Καυκάσου. Σύμφωνα με άλλες αναφορές η ελιά διασώθηκε από την τελευταία περίοδο των παγετώνων σε δύο περιοχές καταφύγια, στη Συρία, στη μέση Ανατολή και στη Βορειοδυτική Αφρική και ειδικότερα στο Μαρόκο και την Αλγερία (Bartolucci και Dhakal, 1999; Ποντίκης, 2000; Σαρπάκη, 2002; Κωστελένος, 2011). Από την Ανατολική Μεσόγειο και τη Μέση Ανατολή η ελιά μεταφέρθηκε και καλλιεργήθηκε αρχικά στην Κρήτη και στη Νότια Ελλάδα και στη συνέχεια με τους Έλληνες εποίκους στη Σικελία και στη Νότια Ιταλία. Με τη Ρωμαϊκή επέκταση, η ελιά και η καλλιέργειά της εξαπλώθηκε σε όλη την κεντρική και τη δυτική Μεσογειακή λεκάνη και κυρίως στην Ιβηρική χερσόνησο και στη Βόρεια Αφρική (Fabbri et al., 2004; Κωστελένος, 2011).

Στην Αμερική η ελιά μεταφέρθηκε το 16<sup>ο</sup> αιώνα με τους εποίκους που έφτασαν εκεί από την Ιβηρική Χερσόνησο και επεκτάθηκε ακόμα περισσότερο στην Ωκεανία και στη Νότια Αφρική (Bartolucci και Dhakal, 1999). Τέλος, από τα μέσα του 20<sup>ου</sup> αιώνα η καλλιέργεια της ελιάς δοκιμάζεται και επεκτείνεται στο Πακιστάν, το Αφγανιστάν, τη Βόρεια Ινδία, το Νεπάλ, τη Βιρμανία, την Κίνα, την Ιαπωνία, τη Νότια Κορέα, τη Μαδαγασκάρη κ.α. (Bartolucci και Dhakal, 1999; Κωστελένος, 2011). Έτσι, σήμερα μπορούμε να ισχυριστούμε ότι δεν υπάρχει ήπειρος με εξαίρεση την Ανταρκτική που να μην καλλιεργείται η ελιά.

Ανεξάρτητα από την προέλευση και το τρόπο διάδοσης της ελιάς, είναι γεγονός ότι η καλλιέργειά της εξαπλώθηκε σε μεγάλη έκταση στην ευρωπαϊκή ήπειρο και αυτός ίσως είναι ο λόγος της γνωστής ονομασίας ελιά η ευρωπαϊκή (*Olea europaea* L.). Ειδικότερα για τη λεκάνη της Μεσογείου η ελιά αποτελεί τη βασικότερη καλλιέργεια από την αρχαιότητα μέχρι σήμερα. Συνεπώς, η ελιά ως



δέντρο του μεσογειακού χώρου, επηρέασε καταλυτικά την εξέλιξη των πρώτων πολιτισμών που αναπτύχθηκαν σ' αυτό το χώρο. Η καλλιέργειά της αποτελεί ορόσημο στην εξέλιξη του μεσογειακού πολιτισμού. Η σύνδεσή της με τη διατροφή και τη λατρεία αποτελεί σημαντικό φαινόμενο που εισχωρεί στη μυθολογία των μεσογειακών λαών και διαμορφώνει λατρευτικές πρακτικές, δοξασίες, έθιμα και συνήθειες αρκετές από τις οποίες διατηρούνται ακόμα και σήμερα.

Η συνεισφορά των Ελλήνων στην εξέλιξη της ελαιοκαλλιέργειας είναι ιδιαίτερα σημαντική καθώς η φυσιογνωμία του ελληνικού λαού θεμελιώνεται καθοριστικά εκτός των άλλων και μέσα από τη σχέση του με το ελαιόδενδρο. Η ελιά, επιδρώντας στην κοινωνικοοικονομική πραγματικότητα δίνει αναμφίβολα το στίγμα της ελληνικής φύσης. Η Ελλάδα, ως το δευτερογενές κέντρο καταγωγής, αποτέλεσε ένα μεγάλο χωνευτήρι μέσα από το οποίο προήλθαν πολλές καλλιεργούμενες ποικιλίες ελιάς, οι οποίες στη συνέχεια αποτέλεσαν το υπόβαθρο για τη δημιουργία πολλών άλλων ποικιλιών. Χαρακτηριστικό παράδειγμα αποτελεί η παγκοσμίως γνωστή ισπανική ποικιλία 'Arbequina' η οποία σύμφωνα με διάφορες ισπανικές αναφορές, μεταφέρθηκε τον 15<sup>ο</sup> αιώνα από την Ελλάδα στην Ισπανία μαζί με πολλές άλλες ποικιλίες ελιάς από τον ισπανό δούκα Medinaceli και φυτεύτηκε στην πόλη Arbeca της επαρχίας Lerida (Sugranyes, 2002; Κωστελένος, 2011). Επίσης, η επιτραπέζια ελληνική ποικιλία 'Καλαμών' καθώς και άλλες ελληνικές ποικιλίες όπως η 'Κορωνέικη', η 'Κονσερβολιά' και η 'Καρυδολιά Χαλκιδικής' λόγω των αξιολογών ή και μοναδικών τους χαρακτηριστικών καλλιεργούνται μαζικά τις τελευταίες δεκαετίες σε πολλές χώρες του εξωτερικού. Χαρακτηριστικό είναι τέλος το γεγονός ότι η ποικιλία 'Καλαμών' με την υψηλή ποιότητα και συντηρησιμότητα των καρπών της έχει γίνει διεθνής και φυτεύεται σε όλο τον κόσμο με συνέπεια να παράγονται πλέον περισσότερες βρώσιμες ελιές 'Καλαμών' εκτός Ελλάδος με αρνητικές οικονομικές αλλά και άλλες επιπτώσεις για τη χώρα μας.

### **Οικονομική σημασία της ελαιοκαλλιέργειας για την Ελλάδα**

Στην Ελλάδα, η ελιά κατέχει ξεχωριστή θέση και είναι η πρώτη σε σπουδαιότητα δενδρώδης καλλιέργεια με παραγωγή και εισόδημα που ξεπερνούν τα αντίστοιχα των υπολοίπων πολυετών δενδροκομικών καλλιεργειών. Σύμφωνα με τα στατιστικά στοιχεία του οργανισμού τροφίμων και γεωργίας των Ηνωμένων Εθνών (FAO, 2010) κατά μέσο όρο στην Ελλάδα καλλιεργούνται περίπου 800.000 ha (8

εκατομμύρια στρέμματα) με ελαιόδεντρα, τα οποία αποδίδουν περίπου 1,8 μεγατόνους ( $10^6$  kg) καρπούς.

Η ελιά καλλιεργείται σχεδόν σε όλα τα διαμερίσματα της χώρας μας, από τις παραλιακές περιοχές της ηπειρωτικής και της νησιωτικής Ελλάδας μέχρι τον Έβρο. Τα τελευταία χρόνια η καλλιέργεια της ελιάς γνωρίζει μεγαλύτερη εξάπλωση στην Κεντρική και Βόρεια Ελλάδα, όπου καλλιεργείται πλέον πειραματικά σε περιοχές όπως τα βόρεια τμήματα των νομών Κιλκίς, Σερρών και Πέλλας, Δυτική Θεσσαλία και Δυτική Μακεδονία, περιοχές όπου στο παρελθόν δεν υπήρχαν ίχνη ελαιοκαλλιέργειας (Κωστελένος, 2011). Στη Νότια και νησιωτική Ελλάδα η ελαιοκαλλιέργεια επεκτείνεται κυρίως σε άγονα ή/και χέρσα χωράφια των ορεινών περιοχών, συμβάλλοντας με αυτό τον τρόπο στην προστασία των εδαφών από τη διάβρωση και αξιοποιώντας παράλληλα τις ακατάλληλες για άλλες καλλιέργειες εκτάσεις και δευτερευόντως σε ημιορεινές εκτάσεις όπου αρχικά καλλιεργούνταν αμπέλια, βερικοκιές κ.λπ. Τα τελευταία 15 χρόνια η ελιά άρχισε να αντικαθιστά τις καλλιέργειες των εσπεριδοειδών στην περιοχή της Αργολίδας, Λακωνίας, Κορινθίας, Μεσσηνίας κ.λπ. Αντίθετα, στην Κεντρική και στη Βόρεια Ελλάδα η καλλιέργεια της ελιάς εξαπλώνεται κυρίως σε περιοχές όπου παραδοσιακά καλλιεργούνταν φυτά μεγάλης καλλιέργειας όπως καπνός, σιτηρά, ζαχαρότευτλα κ.ά. και δευτερευόντως σε χωράφια με καρποφόρα δένδρα όπως οι αμυγδαλιές.

Τα κυριότερα προϊόντα που παράγονται από την καλλιέργεια της ελιάς είναι το ελαιόλαδο και οι επιτραπέζιες ελιές. Στα παραπάνω προϊόντα πρέπει να προστεθεί το πυρηνέλαιο που προορίζεται για βιομηχανική χρήση καθώς και τα υποπροϊόντα της ελιάς όπως τα φύλλα, ο πυρήνας, το ξύλο κ.λπ. Η Ελλάδα είναι η τρίτη χώρα μετά την Ισπανία και την Ιταλία στην εξαγωγή ελαιολάδου. Υπολογίζεται επίσης ότι για το έτος 2010 η εξαγωγίμη ποσότητα βρώσιμων ελιών και ελαιολάδου ανήλθαν στους 118.391 και 80.854 τόνους, αντίστοιχα, συμμετέχοντας κατά 15% στο εθνικό αγροτικό εισόδημα (FAO, 2010).

Η ελαιοκαλλιέργεια διαδραματίζει πρωτεύοντα ρόλο στην οικονομία της χώρας μας καθώς αξιοποιεί άγονα και ξηρικά εδάφη, ανέχεται υφάλμυρα νερά άρδευσης, είναι λιγότερο απαιτητική σε καλλιεργητικές φροντίδες σε σχέση με άλλες καλλιέργειες και η καλλιέργειά της είναι λίγο έως πολύ γνωστή σε όλους. Επιπλέον, ένας μεγάλος αριθμός ελαιώνων ανήκει σε μικροκαλλιεργητές που με αυτόν τον τρόπο εξασφαλίζουν κάποιο ετήσιο εισόδημα. Ωστόσο, οι σχετικά χαμηλές τιμές

διάθεσης του ελληνικού ελαιολάδου τα τελευταία χρόνια καθώς και η δυσκολία εξεύρεσης αγορών, σε συνδυασμό με την εντατική και μαζική επέκταση της ελαιοκαλλιέργειας σε άλλες χώρες εντείνουν την ανάγκη για νέες επενδύσεις και εκσυγχρονισμό με στόχο τη διασφάλιση του μέλλοντος της ελληνικής ελαιοκομίας.

### **Πολλαπλασιασμός της ελιάς**

Ο πολλαπλασιασμός της ελιάς γίνεται εγγενώς (με σπόρο), με τη μικτή μέθοδο που χρησιμοποιεί ως βάση το σπόρο και τον εμβολιασμό των σποροφύτων ή αγενώς με διάφορους τρόπους (Hartmann et al., 2001; Sebastiani και Tognetti, 2004). Ο πολλαπλασιασμός όμως με σπόρο δε συνιστάται γιατί οι ποικιλίες ελιάς δεν αναπαράγονται πιστά με αυτό το τρόπο και επιπλέον τα παραγόμενα σπορόφυτα χαρακτηρίζονται από πολύ μακρά περίοδο νεανικότητας που έχει ως συνέπεια τη μεγάλη καθυστέρηση στην είσοδό τους σε καρποφορία. Παρόλα αυτά, ο σπόρος χρησιμοποιείται στην πράξη για την παραγωγή σποροφύτων-υποκειμένων στη μικτή μέθοδο πολλαπλασιασμού, τα οποία θα εμβολιαστούν στη συνέχεια με τις επιλεγθείσες καλλιεργούμενες ποικιλίες (Pritsa και Voyiatzis, 2002).

Ο αγενής πολλαπλασιασμός έχει ως στόχο την παραγωγή γενετικά όμοιων φυτών τόσο μεταξύ τους όσο και με το μητρικό. Η τεχνική αυτή έχει τεράστια σημασία για την καλλιέργεια καρποφόρων δένδρων και θάμνων γιατί με τον τρόπο αυτό μπορούν να διατηρηθούν τα καλά ποιοτικά χαρακτηριστικά των καρπών και οι καλές ιδιότητες του μητρικού φυτού και να εκφραστούν στη συνέχεια στους απογόνους του (Swamy et al., 2002; Bati et al., 2006).

Η ελιά από τις αρχές της καλλιέργειάς της μέχρι το δεύτερο μισό του 19<sup>ου</sup> αιώνα πολλαπλασιάζονταν κυρίως αγενώς, με έρριζες παραφυάδες, σφαιροβλάστες, μοσχεύματα και εμβολιασμό. Η βραδύτητα της ανάπτυξής της, σε συνδυασμό με τη συνήθη πρακτική πολλαπλασιασμού της στα διάφορα αγροκτήματα, είχε ως αποτέλεσμα την παραγωγή μικρού αριθμού δένδρων κάθε χρόνο. Το γεγονός αυτό συνετέλεσε στην επιλογή και 'εγκατάσταση' των διαφόρων τοπικών ποικιλιών, στο οποίο οφείλεται και ο μεγάλος αριθμός γονοτύπων που βρέθηκε στις διάφορες χώρες της Μεσογείου.

Ο Caruso (1883) όπως αναφέρεται από τους Fabbri et al. (2004) αμφισβήτησε τους μέχρι τότε τρόπους αγενούς πολλαπλασιασμού και υποστήριξε τα πλεονεκτήματα του πολλαπλασιασμού της ελιάς με εμβολιασμό πάνω σε σπορόφυτα.

Στην πραγματικότητα το κύριο πλεονέκτημα της τεχνικής του εμβολιασμού για τη συγκεκριμένη χρονική περίοδο ήταν η δυνατότητα της μαζικής διάδοσης της ελιάς και ως εκ τούτου η πτώση των τιμών των επιμέρους μονάδων. Επίσης, ο ίδιος ερευνητής υποστήριξε ότι με τον εμβολιασμό θα μπορούσαν να χρησιμοποιηθούν υποκείμενα με θετικά χαρακτηριστικά, να παραχθούν ποικιλίες με ανώτερα χαρακτηριστικά, οι οποίες θα μπορούσαν να εισαχθούν εύκολα σε νέους τομείς της καλλιέργειας καθώς και να αυξηθεί η πυκνότητα φύτευσης. Ωστόσο, αρκετοί ερευνητές του 20<sup>ου</sup> αιώνα (Wiesman και Lavee, 1995; Sebastiani et al., 2002; Sghir et al., 2003; Bati et al., 2006) έδειξαν ότι ο τρόπος πολλαπλασιασμού με μοσχεύματα ήταν εξίσου καλός σε σχέση με τον εμβολιασμό, λαμβάνοντας υπόψη το χρόνο ζωής του ελαιόδενδρου και την απόδοσή του. Η νέα τεχνική διαδόθηκε λόγω της ανάγκης παραγωγής μεγάλου αριθμού φυτών για την επέκταση των ελαιώνων.

Η υπεροχή του εμβολιασμού στο παρελθόν έναντι των άλλων άμεσων μεθόδων πολλαπλασιασμού μπορεί να αποδοθεί στο γεγονός ότι για μεγάλο χρονικό διάστημα η αρκετά καλή ριζοβολία μπορούσε να επιτευχθεί μόνο με μοσχεύματα ηλικίας τεσσάρων χρόνων ή μεγαλύτερης ηλικίας καθώς και με σχετικά μεγάλους σφαιροβλάστες, γεγονός που έκανε τη διαθεσιμότητα του πολλαπλασιαστικού υλικού αρκετά δύσκολη και σπάνια (Fabbri et al., 2004). Με την πάροδο του χρόνου και τις εξελίξεις στην έρευνα, ξεκίνησε από το 1940 ο συστηματικός πολλαπλασιασμός της ελιάς με φυλλοφόρα μοσχεύματα ηλικίας ενός ή δύο ετών. Στη συνέχεια η έρευνα επικεντρώθηκε στις χρησιμοποιούμενες ουσίες για διευκόλυνση της ριζοβολίας, στον τρόπο κοπής των μοσχευμάτων καθώς και στο περιβάλλον του θερμοκηπίου. Σε λιγότερο από δύο δεκαετίες ξεκίνησε η συστηματική διάδοση του πολλαπλασιασμού της ελιάς με ημίσκληρα φυλλοφόρα μοσχεύματα, μια τεχνική η οποία μέχρι σήμερα θα εξακολουθήσει να υποβάλλεται σε διάφορες βελτιώσεις με στόχο την αύξηση της αποδοτικότητάς της. Ωστόσο, το παλαιό σύστημα πολλαπλασιασμού της ελιάς με εμβολιασμό έχει επιζήσει μέχρι πρόσφατα σε πολλές περιοχές, συμπεριλαμβανομένης της Ελλάδας, της νότιας Ιταλίας και της Ανδαλουσίας (Ισπανία) (Fabbri et al., 2004).

Από τα παραπάνω συνεπάγεται ότι όλες οι διαθέσιμες τεχνικές πολλαπλασιασμού είχαν τη σημασία τους στις διαφορετικές ιστορικές περιόδους για τη διάδοση της ελιάς, ανεξαρτήτως εάν κατά καιρούς μια τεχνική επικράτησε έναντι των υπολοίπων. Βέβαια, δε θα πρέπει να ξεχνάμε ότι η οικονομική επιτυχία ενός εμπορικού ελαιώνα εξαρτάται κυρίως από την επιλογή του πολλαπλασιαστικού

υλικού, το κόστος παραγωγής του αλλά και τα χαρακτηριστικά του, τα οποία επηρεάζονται και από την τεχνική πολλαπλασιασμού.

### **Πολλαπλασιασμός με φυλλοφόρα μοσχεύματα και παράγοντες που επηρεάζουν τη ριζοβολία τους**

Ο πολλαπλασιασμός με μοσχεύματα αποτελεί το σημαντικότερο μέσο για την κλωνική αναγέννηση και διάδοση των περισσότερων καλλιεργειών που έχουν μεγάλη οικονομική σημασία και εφαρμόζεται ευρύτατα στη φυτωριακή πράξη (Avidan και Lavee, 1978; Swamy et al., 2002; Fabbri et al., 2004). Λόγω των σημαντικών πλεονεκτημάτων του αγενούς πολλαπλασιασμού, όπως ο ταχύτερος ρυθμός παραγωγής φυτών, η ταχύτερη είσοδος των δένδρων σε καρποφορία, το χαμηλό κόστος παραγωγής και η ομοιομορφία των δένδρων, ο πολλαπλασιασμός της ελιάς με τη μέθοδο των μοσχευμάτων κερδίζει συνεχώς έδαφος (Swamy et al., 2002; Bati et al., 2006). Ενδεικτικό είναι το γεγονός ότι το 71% των παραγόμενων δενδρυλλίων ελιάς στη λεκάνη της Μεσογείου παράγεται αγενώς με μοσχεύματα (Avidan και Lavee, 1978; Sebastiani et al., 2002; Sghir et al., 2003; Bati et al., 2006).

Ωστόσο αυτή η υπεροχή του πολλαπλασιασμού με μοσχεύματα έναντι των άλλων μεθόδων δεν είναι πάντα εφικτή καθώς περιλαμβάνει τη χρήση περισσότερων ή λιγότερων πολύπλοκων δομών, οι οποίες απαιτούν χρήματα και εκπαίδευση και σε πολλές περιπτώσεις ένα ή αμφότερα από αυτά δεν μπορούν να είναι διαθέσιμα (Wiesman και Lavee, 1994; Sebastiani και Tognetti, 2004). Επίσης, δεν πολλαπλασιάζονται εύκολα με μοσχεύματα όλα τα φυτικά είδη καθώς σε πολλές περιπτώσεις παρουσιάζονται δυσκολίες στο να επιτευχθεί ικανοποιητικό ποσοστό ριζοβολίας. Ανάμεσα στα φυτικά είδη που παρουσιάζουν αυτή τη δυσκολία συγκαταλέγεται και η ελιά. Σημαντικές όμως διαφορές όσον αφορά την ικανότητα ριζοβολίας παρουσιάζονται και μεταξύ των ποικιλιών ελιάς. Για το λόγο αυτό κατηγοριοποιούνται με βάση τα ποσοστά ριζοβολίας των μοσχευμάτων τους σε 'εύκολα', 'μέτρια' και 'δύσκολα' ριζοβολούντες ποικιλίες (βλέπε παράρτημα Α) (Fontanazza, 1993; Wiesman και Lavee, 1995).

Οι μεγάλες επιχειρήσεις που ασχολούνται με τον πολλαπλασιασμό των φυτών προσπαθούν να βρουν νέες τεχνικές και μεθόδους με στόχο να βελτιώσουν το περιβάλλον ανάπτυξης των φυτών (καλύτερες συνθήκες μέσα στη μονάδα της

υδρονέφωσης, νέα συστήματα ψεκασμού, έλεγχο της φωτοπεριόδου). Ωστόσο, η γνώση της φυσιολογίας, της βιοχημείας και της γενετικής σύστασης του φυτικού υλικού που σχετίζεται με τη ριζοβολία είναι ελλιπής. Ενώ γνωρίζουμε πολλά για τη βιολογία και το χειρισμό των μοσχευμάτων, οι βασικές διαδικασίες που προκαλούν το σχηματισμό των τυχαίων ριζών παραμένουν σε μεγάλο βαθμό άγνωστες.

Πέρα από τις διαφορές που οφείλονται στο γενετικό υλικό, πολλοί είναι οι παράγοντες εκείνοι που καθορίζουν τα ποσοστά ριζοβολίας μιας συγκεκριμένης ποικιλίας, όπως η εποχή συλλογής των μοσχευμάτων, η θρεπτική κατάσταση του μητρικού φυτού, το είδος και η συγκέντρωση της εφαρμοζόμενης ορμόνης, η σύσταση του μέσου ριζοβολίας, ο αριθμός των φύλλων που φέρει το μόσχευμα κ.ά. (Avidan και Lavee, 1978; Usta, 1999; Sebastiani et al., 2002; Sghir et al., 2003). Είναι γνωστό ότι οι διάφοροι ρυθμιστές ανάπτυξης (αυξίνες, κυτοκινίνες, γιββερελλίνες, αιθυλένιο, αψισικό οξύ) καθώς και άλλες ενώσεις, όπως οι πολυαμίνες, οι υδατάνθρακες και οι φαινολικές ενώσεις, επηρεάζουν τις διάφορες μεταβολικές διεργασίες της ριζογένεσης άμεσα ή έμμεσα (Hartmann et al., 2001). Επίσης, σημαντικό ρόλο στη ριζογένεση φαίνεται να παίζουν και ορισμένα ένζυμα όπως η υπεροξειδάση (POD), η πολυφαινολοξειδάση (PPO) και η οξειδάση του ινδολυλοξικού οξέος (IAA) (IAA oxidase). Ο ρόλος όλων των πιο πάνω παραγόντων στη ριζοβολία γενικά και ειδικότερα των μοσχευμάτων ελιάς αναπτύσσεται λεπτομερώς στα επόμενα κεφάλαια.

### **Αντικείμενο της έρευνας**

Αντικείμενο της παρούσας ερευνητικής εργασίας ήταν η μελέτη των φυσιολογικών, βιοχημικών, γενετικών και ανατομικών παραγόντων που πιθανόν επηρεάζουν την ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων σε δύο σημαντικές ποικιλίες ελιάς, με μεγάλες διαφορές όσον αφορά τα ποσοστά ριζοβολίας που επιτυγχάνονται κατά τον πολλαπλασιασμό τους με φυλλοφόρα μοσχεύματα. Οι μελετώμενες ποικιλίες ήταν η 'Arbequina' που με βάση την κατηγοριοποίηση κατά Fontanazza (1993) και Wiesman και Lavee (1995) συγκαταλέγεται στις 'εύκολες' ποικιλίες για ριζοβολία και η 'Καλαμών' που συγκαταλέγεται στις 'δύσκολες'. Ιδιαίτερη έμφαση δόθηκε στη διερεύνηση των παραγόντων που πιθανόν εμποδίζουν τη ριζοβολία της ποικιλίας 'Καλαμών'.

Η υλοποίηση της παρούσας ερευνητικής εργασίας είχε ως πρωτεύοντα στόχο την εύρεση πιθανών σχέσεων των μετρούμενων παραγόντων με τη ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς. Σε δεύτερο στάδιο, στόχος ήταν να εφαρμοστούν τεχνικές, καθώς και ορμονικά και άλλα σκευάσματα για την επαγωγή της ριζοβολίας στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ώστε να αυξηθεί το ποσοστό ριζοβολίας τους. Παράλληλα, η παρούσα μελέτη είχε ως γενικότερο σκοπό, μελετώντας τους μηχανισμούς ριζοβολίας, τη βελτίωση της ριζοβολίας και κύρια την αύξηση των ποσοστών ριζοβολίας όχι μόνο στις δύσκολα ριζοβολούντες ποικιλίες ελιάς, αλλά και σε άλλες ποικιλίες. Έτσι με τον τρόπο αυτό θα είναι δυνατή η μαζική παραγωγή υγιούς φυτικού υλικού με χαμηλό κόστος.

Η εστίαση ειδικότερα στην ποικιλία ‘Καλαμών’ οφείλεται στο γεγονός ότι η ποικιλία αυτή εμφανίζει ιδιαίτερο κοινωνικο-οικονομικό ενδιαφέρον όχι μόνο για την Ελλάδα αλλά και σε παγκόσμιο επίπεδο. Ένας άλλος λόγος είναι ότι ο πολλαπλασιασμός της με μοσχεύματα, που θα έδινε τη δυνατότητα εύκολης και ταχείας παραγωγής φτηνού πολλαπλασιαστικού υλικού, είναι πολύ δύσκολος μέχρι αδύνατος (Fontanazza, 1993). Ειδικότερα τα τελευταία χρόνια παρατηρείται αυξημένη ζήτηση από πολλές χώρες της Αφρικής, Ασίας και Ν. Αμερικής όπου έγινε γνωστή η ποικιλία αυτή, όπως επίσης και σε χώρες που τα τελευταία χρόνια ξεκίνησε η καλλιέργεια της ελιάς όπως η Αυστραλία και η Κίνα. Επομένως, καθώς οι ανάγκες για παραγωγή πολλαπλασιαστικού υλικού της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είναι αυξημένες και δύσκολα καλύπτονται με τις ήδη εφαρμοζόμενες μεθόδους πολλαπλασιασμού της καθίσταται εξαιρετικής σημασίας η αύξηση της ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων της.

Επιπλέον, με την αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Καλαμών’ διασφαλίζεται η μελλοντική καλλιέργεια αυτής της εξαιρετικής ποικιλίας και παράλληλα επικουρείται η διατήρηση των ενδημικών φυτικών ειδών εξασφαλίζοντας την παραλλακτικότητα της χλωρίδας σε παγκόσμιο επίπεδο. Η επίλυση του προβλήματος της ριζοβολίας των μοσχευμάτων στην ‘Καλαμών’ αλλά και σε άλλες ‘δύσκολες’ ποικιλίες θα συμβάλει όχι μόνο στην κάλυψη των πιο πάνω αναγκών αλλά επιπλέον θα έχει ως αποτέλεσμα τη γρηγορότερη είσοδο σε καρποφορία και τις αυξημένες στρεμματικές αποδόσεις κυρίως κατά τα πρώτα χρόνια της καλλιέργειας. Όσον αφορά την Ελλάδα, η καλλιέργεια της ποικιλίας ‘Καλαμών’ σε μεγαλύτερη κλίμακα για την παραγωγή βρώσιμων εξαγωγίμων ελιών, καθώς και η συστηματική

παραγωγή και εμπορία υγιών δενδρυλλίων ελιάς θα βοηθήσει στην ενίσχυση του αγροτικού εισοδήματος.

### **Καινοτομία της παρούσας ερευνητικής εργασίας**

Οι περισσότερες μελέτες στον πολλαπλασιασμό της ελιάς με φυλλοφόρα μοσχεύματα μέχρι σήμερα αναφέρονται κύρια στη χρήση διαφόρων ορμονών ριζοβολίας με σκοπό την αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας αυτών. Ένα μικρό μέρος των εργασιών αφορά την επίδραση μεμονωμένων παραγόντων στη ριζοβολία όπως οι υδατάνθρακες, οι πολυαμίνες και τα φαινολικά. Στη συγκεκριμένη εργασία έχουν επιλεγεί δύο παγκοσμίως σημαντικές ποικιλίες ελιάς, με διαφορετική συμπεριφορά όσον αφορά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων τους με σκοπό να μελετηθούν εκείνοι οι παράγοντες (ανατομικοί, φυσιολογικοί, μοριακοί) στους οποίους πιθανόν να οφείλεται η διαφορετική αντίδραση των δύο ποικιλιών όσον αφορά την ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων τους. Με βάση τα αποτελέσματα της έρευνας αυτής θα επιδιωχθεί η ανάπτυξη μιας τεχνικής που θα οδηγήσει σε υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας για την ποικιλία ‘Καλαμών’, γεγονός μεγάλης σημασίας για την εθνική οικονομία.

Ειδικότερα οι καινοτομίες της παρούσας μελέτης αφορούν τα ακόλουθα:

- Τη διερεύνηση του ρόλου των πολυαμινών στη ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς. Σε σχέση με τις πολυαμίνες μέχρι σήμερα έχει βρεθεί ότι η πουτρεσκίνη δρα συνεργιστικά στη ριζοβολία όταν προστεθεί σε συνδυασμό με την αυξίνη.
- Την αποσαφήνιση του ρόλου των υδατανθράκων στη ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς με: α) τη συνδυασμένη μέτρηση των ενδογενών μεμονωμένων σακχάρων με τις σύγχρονες μεθόδους της υγρής χρωματογραφίας αντί των ολικών σακχάρων που έχουν μετρηθεί μέχρι τώρα σε άλλες εργασίες στην ελιά και β) την εφαρμογή επιλεγμένων σακχάρων στα μοσχεύματα για τη μελέτη της επίδρασής τους στη ριζοβολία.
- Στη διερεύνηση του ρόλου των φαινολικών ουσιών σε συνδυασμό με τη δράση των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase.
- Στο ρόλο των φαινολικών ουσιών γενικά στη διαδικασία της ριζογένεσης γεγονός που δεν έχει διευκρινισθεί πλήρως. Είναι πιθανό στο στάδιο της επαγωγής σχηματισμού των ριζικών αρχηγόνων τα φαινολικά να ελέγχουν την οξείδωση της φυσικής αυξίνης μέσω της IAA oxidase με αποτέλεσμα τη



μείωση του IAA σε επίπεδο που είναι άριστο για την προώθηση της ριζοβολίας. Μελετήθηκε για πρώτη φορά ο ρόλος των ο-διφαινολών αλλά και των υπόλοιπων μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς.

- Μία ακόμη σημαντική καινοτομία αποτελεί, η για πρώτη φορά, προσπάθεια εντοπισμού γονιδίων, ιδιοσυστατικά εκφραζόμενων, στα μοσχεύματα της ελιάς και η πιθανότητα τα γονίδια αυτά να συνδέονται με τη δυνατότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων. Αυτό επιτεύχθηκε με τη δημιουργία δύο αφαιρετικών (subtracted) cDNA (complimentary DNA, συμπληρωματικό DNA) βιβλιοθηκών (εύκολα ριζοβολούμενη ποικιλία ελιάς – δύσκολα ριζοβολούμενη ποικιλία ελιάς, και αντίστροφα) και μελετήθηκε σε αυτές η ύπαρξη παραγόντων (γονιδίων) που είναι υπεύθυνοι και πιθανόν εμπλέκονται στη διαφορά ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ελιάς ‘Καλαμών’ και ‘Arbequina’.
- Μελετήθηκαν τέλος οι διαφορές στην ανατομία των βλαστών και οι ανατομικές αλλαγές στη βάση των μοσχευμάτων κατά τη ριζοβολία καθώς και ο προσδιορισμός του ιστού από τον οποίο σχηματίζονται οι ρίζες στις δύο ποικιλίες ελιάς.

Η ταυτόχρονη μελέτη όλων των πιο πάνω παραγόντων σε μοσχεύματα ελιάς είναι μια πρωτοτυπία που μπορεί να δώσει πολλές απαντήσεις τόσο στο θεωρητικό επίπεδο που αφορά τους βιοχημικούς μηχανισμούς ελέγχου της ριζογένεσης, όσο και στον τομέα των εφαρμογών με την εύρεση ουσιών που αυξάνουν τα ποσοστά ριζοβολίας. Με βάση τα αποτελέσματα αυτά θα είναι δυνατή η σύνθεση χημικών ή βιοτεχνολογικών προϊόντων που να ευνοούν τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς και πιθανόν και άλλων φυτών.

## Βιβλιογραφία

- Avidan, B., Lavee, S., 1978. Physiological aspects of the rooting ability of olive cultivars. *Acta Horticulturae* 79, 93-101.
- Bartolucci, P., Dhakal, B.R., 1999. Prospects for olive growing in Nepal. Olive production development project (TCP/NEP/6713), Field document 1.
- Bati, C.B., Godino, G., Monardo, D., Nuzzo, V., 2006. Influence of propagation techniques on growth and yield of olive trees cultivars ‘Carolea’ and ‘Nocellara Etnea’. *Scientia Horticulturae* 109, 173-182.
- Fabbri, A., Bartolini, G., Lambardi, M., Kailis, S.G., 2004. Olive propagation manual. Landlinks Press, Australia.
- FAO, 2010. Publications Division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2010. <http://www.fao.org> και <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>
- Fontanazza, G., 1993. Olivicoltura intensiva meccanizzata. Edagricole Ed., Bologna, Italy, pp. 103.
- Hartmann, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T., 2001. Plant propagation principles and practices. 5<sup>th</sup> Edition, Prentice-Hall, New Jersey.
- Pritsa, T.S., Voyiatzis, D.G., 2002. Effects of nutrient media on the morphogenesis of cotyledonary explants of olive. *Acta Horticulturae* 586, 923-926.
- Sebastiani, L., Tognetti, R., di Paolo, P., Vitagliano, C., 2002. Hydrogen peroxide and indole-3-butyric acid effects on root induction and development in cuttings of *Olea europaea* L. (cv. ‘Frantoio’ and ‘Gentile di Larino’). *Advances in Horticultural Science* 16, 7-12.
- Sebastiani, L., Tognetti, R., 2004. Growing season and hydrogen peroxide effects on root induction and development in *Olea europaea* L. (cvs ‘Frantoio’ and ‘Gentile di Larino’) cuttings. *Scientia Horticulturae* 100, 75-82.
- Sghir, S., Belkoura, I., Quazzani, N., 2003. Variability in the rooting ability of varieties of olive (*Olea europaea* L.). *Olivae* 96, 20-24.
- Swamy, S.L., Puri, S., Singh, A.K., 2002. Effect of auxins (IBA and NAA) and season on rooting of juvenile and mature hardwood cuttings of *Robinia pseudoacacia* and *Grewia optiva*. *New Forests* 23, 143-157.
- Sugranyes, M.J., 2002. Intineraris viscuts per les comarquesmeridionals. Tardor, pp. 160.

- Wiesman, Z., Lavee, S., 1994. Vegetative growth –retardation, improved rooting and viability of olive cuttings in response to application of growth-retardants. *Plant Growth Regulation* 14, 83-90.
- Wiesman, Z., Lavee, S., 1995. Enhancement of IBA stimulatory effect on rooting of olive cultivar stem cuttings. *Scientia Horticulturae* 62, 189-198.
- Usta, S.S., 1999. The research on rooting ability of olive cuttings (*Olea europaea* L. cv. Domat). *Acta Horticulturae* 474, 63-66.
- Κωστελένος, Γ., 2011. Στοιχεία ελαιοκομίας-Ιστορία, περιγραφή και γεωγραφική κατανομή των ποικιλιών ελιάς στην Ελλάδα. Σελίδες 11-16 και 119-124.
- Ποντίκης, Κ., 2000. Ειδική δενδροκομία, Ελαιοκομία. Τόμος τρίτος, Εκδόσεις Σταμούλης, Αθήνα. Σελίδες 23-27.
- Σαρπάκη, Α., 2002. Ανιχνεύοντας την παρουσία της ελιάς στη προϊστορική Κρήτη. Τα αιωνόβια δένδρα ζητούν προστασία. Σελίδες 46-48.

# **Μέρος Πρώτο**

**Μελέτη της επίδρασης των αυξινών, του υποστρώματος και της εποχής φύτευσης στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς**



## Περίληψη

Στο παρόν κεφάλαιο μελετήθηκε η επίδραση του υποστρώματος ριζοβολίας, των αυξινών και της εποχής, στη ριζοβολία φυλλοφόρων μοσχευμάτων τριών ποικιλιών ελιάς ('Καλαμών', 'Μαστοειδής' και 'Arbequina') οι οποίες παρουσιάζουν διαφορετική ικανότητα ως προς τη ριζοβολία. Τα πειράματα ριζοβολίας διεξήχθησαν το καλοκαίρι και το φθινόπωρο και χρησιμοποιήθηκαν οι αυξίνες: α) ινδολοβουτυρικό οξύ (IBA) και β) α-ναφθαλινοξικό οξύ (α-NAA) σε διάφορες συγκεντρώσεις καθώς και συνδυασμοί αυτών σε δύο υποστρώματα ριζοβολίας ήτοι: α) ένα οργανικό υπόστρωμα με βάση την τύρφη (αναφέρεται στο εξής ως οργανικό υπόστρωμα) και β) μείγμα τύρφης-περλίτη σε αναλογία 1:1. Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι όλα τα μοσχεύματα ανεξαρτήτου ποικιλίας ριζοβόλησαν καλύτερα στο οργανικό υπόστρωμα, έναντι του υποστρώματος τύρφης-περλίτη. Επίσης, στο οργανικό υπόστρωμα τα ριζοβολημένα φυτά ανέπτυξαν πλουσιότερο ριζικό σύστημα με πυκνότερες και μεγαλύτερες ρίζες. Μεταξύ των ποικιλιών η 'Arbequina' ριζοβόλησε σε υψηλότερα ποσοστά (μέχρι 96%), ακολούθησε η 'Μαστοειδής' με 60% και η 'Καλαμών' με πολύ χαμηλά ποσοστά 2-3%. Οι ποικιλίες 'Arbequina' και 'Μαστοειδής' ριζοβόλησαν σε υψηλότερο ποσοστό το φθινόπωρο, ενώ στην ποικιλία 'Καλαμών' δεν παρατηρήθηκαν στατιστικά σημαντικές διαφορές στη ριζοβολία των μοσχευμάτων μεταξύ των δύο εποχών. Τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας για κάθε ποικιλία επιτεύχθηκαν με διαφορετική συγκέντρωση αυξίνης. Το IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> προώθησε καλύτερα τη ριζοβολία στις ποικιλίες 'Arbequina' και 'Καλαμών', ενώ για την ποικιλία 'Μαστοειδής' καλύτερη ήταν η εφαρμογή του α-NAA σε συγκέντρωση 1000 mg L<sup>-1</sup>.



## 1. Εισαγωγή

Ο πολλαπλασιασμός με μοσχεύματα αποτελεί το σημαντικότερο μέσο για την κλωνική αναγέννηση των περισσότερων φυτών στη δενδροκομία (Avidan και Lavee, 1978; Fabbri et al., 2004). Απαραίτητη προϋπόθεση για τον επιτυχή πολλαπλασιασμό με μοσχεύματα είναι ο σχηματισμός τυχαίων ριζών, καθώς τα μοσχεύματα βρίσκονται σε 'δυσχερή' λόγω του ότι δεν υπάρχει ριζικό σύστημα, ενώ οι μεταβολικές διεργασίες εντός αυτών συνεχίζονται, με κυριότερη για τα φυλλοφόρα μοσχεύματα τη διαπνοή (Fabbri et al., 2004).

Η διαδικασία σχηματισμού των τυχαίων ριζών σε ένα μόσχευμα σύμφωνα με τους Jasik και De Klerk (1997) και Husen (2012) περιλαμβάνει τα εξής στάδια: α) αποδιαφοροποίηση των κυττάρων (0 – 24 h), όπου ήδη διαφοροποιημένα κύτταρα ενεργοποιούνται μετά από κάποιο ερεθίσμα ώστε να σχηματίσουν κύτταρα με μεριστωματική δραστηριότητα (επαγωγή του ερεθίσματος) β) έναρξη σχηματισμού ριζικών αρχεγόνων (24 – 96 h), όπου ξεκινάει ο σχηματισμός των ριζικών αρχεγόνων, τα οποία στη συνέχεια οργανώνονται σε ριζικές καταβολές και γ) αύξηση και ανάπτυξη των ριζικών καταβολών (96 h και μετά). Τα στάδια αυτά χαρακτηρίζονται από επιμέρους στάδια όπου διάφορες βιοχημικές και ανατομικές αλλαγές συμβαίνουν κατά τη διάρκεια της ριζογένεσης.

Είναι γνωστό ότι οι διάφοροι ρυθμιστές ανάπτυξης (αυξίνες, κυτοκινίνες, γιββερελλίνες, αιθυλένιο, αψισικό οξύ καθώς και διάφορες άλλες βοηθητικές ενώσεις, όπως οι παρεμποδιστές/επιβραδυντές αύξησης, οι πολυαμίνες και οι φαινολικές ενώσεις) επηρεάζουν τις διάφορες μεταβολικές διεργασίες της ριζογένεσης άμεσα ή έμμεσα (Hartmann et al., 2001). Εν τούτοις, είναι πλέον αποδεκτό ότι απ' όλες τις φυτορρυθμιστικές ενώσεις πρωτεύοντα ρόλο στη ριζοβολία των μοσχευμάτων κατέχουν οι αυξίνες (Chin et al., 1969; Jarvis και Shaheed, 1986; Hartmann et al., 2001; Garrido et al., 2002; Aminah, 2003; Keeley et al., 2003; Kelen και Ozkan, 2003; Negash, 2003; Fabbri et al., 2004). Γενικά, τόσο το επίπεδο των ενδογενών αυξινών (Ford et al., 2001), όσο και η εξωγενώς εφαρμοζόμενη αυξίνη επηρεάζουν το ποσοστό ριζοβολίας των μοσχευμάτων (Copes και Mandel, 2000; Ford et al., 2002; Kelen και Ozkan, 2003).

Ιδιαίτερα σημαντική είναι η παρουσία αυξίνης σε υψηλά επίπεδα - σε μη τοξικές όμως για τα μοσχεύματα συγκεντρώσεις - στα πρώτα στάδια της ριζοβολίας



(στάδιο επαγωγής της αποδιαφοροποίησης των κυττάρων και στο πρώτο στάδιο της έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων) (Hartmann et al., 2001; Fabbri et al., 2004), ενώ κατά το στάδιο αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών κρίνεται απαραίτητο να μειωθούν οι συγκεντρώσεις της (De Klerk et al., 1999). Ο σχηματισμός των ριζικών αρχεγόνων εξαρτάται τόσο από την εξωγενώς παρεχόμενη αυξίνη όσο και από τα ενδογενή επίπεδα αυτής, ενώ στα επακόλουθα στάδια της αύξησης των ριζικών καταβολών η παρουσία αυξίνης φαίνεται να δρα παρεμποδιστικά (Fabbri et al., 2004).

Η αυξίνη προκαλεί την αποδιαφοροποίηση των κυττάρων του περικυκλίου και του παρεγχύματος και προάγει τις αρχικές κυτταρικές διαιρέσεις. Ωστόσο, ο σχηματισμός των ριζικών αρχεγόνων δεν εξαρτάται από την παρεχόμενη αυξίνη (Hartmann et al., 2001). Επιπλέον, η αυξίνη προωθεί την κυτταρική διαίρεση στα ριζικά μεριστώματα καθώς και το σχηματισμό τυχαίων ριζών. Η εξωγενώς παρεχόμενη αυξίνη μπορεί να επάγει το σχηματισμό και την ανάπτυξη πλευρικών ριζών καθώς και να προωθήσει το σχηματισμό τυχαίων ριζών σε βλαστούς ή άλλους ιστούς. Ωστόσο, σε υψηλές συγκεντρώσεις, η αυξίνη παρεμποδίζει την επιμήκυνση και ανάπτυξη της ρίζας (Li et al., 2009).

Οι ορμόνες που χρησιμοποιούνται για τη ριζοβολία στον πολλαπλασιασμό με μοσχεύματα είναι το ινδολυλοξικό οξύ (IAA), το ινδολο-βουτυρικό οξύ (IBA) και το α-ναφθαλινοξικό οξύ ( $\alpha$ -NAA) (Ford et al., 2001; Hartmann et al., 2001) από μόνες τους ή μείγματά τους σε διάφορες συγκεντρώσεις. Οι συγκεντρώσεις των εξωγενώς εφαρμοζόμενων αυξινών ποικίλουν αναλόγως της εποχής, του μεγέθους των μοσχευμάτων, του είδους του φυτού, της ποικιλίας και της διάρκειας εμβάπτισης και κυμαίνονται κατά μέσο όρο από  $500 \text{ mg L}^{-1}$  έως  $5000 \text{ mg L}^{-1}$  (Rugini, 1986; Briccoli-Batti και Lombardo, 1988; Cutting και van Vuuren, 1988; Del Rio et al., 1991; Wiesman και Lavee, 1995α; Ozkaya και Celik, 1999; Mousa, 2003; Sebastiani και Tognetti, 2004).

Η φυσική αυξίνη είναι το IAA του οποίου κύρια πηγή είναι η αυξανόμενη βλαστική κορυφή. Το IAA είναι φωτοευαίσθητο και ενώνεται με διάφορα μόρια (αλκοόλες, αμινοξέα, σάκχαρα) σχηματίζοντας εστέρες, αμίδια και συζευγμένους γλυκοζίτες (Ludwig-Müller, 2011). Με αυτό τον τρόπο δύναται να αποθηκευτεί η αυξίνη και να προστατευτεί από την ενζυμική διάσπασή της. Παράλληλα ο σχηματισμός συζευγμένων μορίων με το IAA είναι ένας μηχανισμός σταθεροποίησης

των επιπέδων της ελεύθερης αυξίνης εντός των κυττάρων (Gaspar et al., 1996). Ωστόσο, έχει βρεθεί ότι οι δύο συνθετικές αυξίνες (IBA και  $\alpha$ -NAA) προωθούν καλύτερα τη ριζοβολία των μοσχευμάτων σε σχέση με τη φυσικά απαντώμενη αυξίνη ή ακόμα και συνθετικά παραγόμενη IAA (Gaspar et al., 1996; Hartmann et al., 2001), καθώς είναι λιγότερο ευαίσθητες στο φως και στη θερμοκρασία και πιο ανθεκτικές στη διάσπαση από τους διάφορους μικροοργανισμούς (Fabbri et al., 2004).

Το IBA έχει την ίδια χημική δομή με αυτή του IAA με διαφορά δύο επιπλέον ομάδων μεθυλενίου και παρόλο που χαρακτηρίζεται ως συνθετική αυξίνη στην πραγματικότητα πρόκειται για ένωση που απαντάται στους φυτικούς ιστούς (Bartel et al., 2001; Woodward και Bartel, 2005; Krisantini et al., 2006). Χρησιμοποιείται ευρέως για τον πολλαπλασιασμό με μοσχεύματα των περισσότερων φυτικών ειδών, καθώς δεν είναι τοξικό για τα σκληρά και ημίσκληρα μοσχεύματα και είναι πιο αποτελεσματικό στην προώθηση της ριζοβολίας σε ένα ευρύ φάσμα συγκεντρώσεων (Mousa, 2003; Fabbri et al., 2004). Επίσης, το IBA μπορεί να μετατραπεί σε IAA και με αυτό τον τρόπο να αποτελέσει μια αργή πηγή αποδέσμευσης ενδογενούς αυξίνης (van der Krieken et al., 1997; Hartmann et al., 2001). Εν τούτοις, η καλύτερη αποτελεσματικότητα του IBA, σε αντίθεση με το IAA στην επαγωγή της ριζοβολίας, μπορεί να αποδοθεί σε διάφορες αιτίες όπως: α) ο ρυθμός σύζευξης του IBA με τα διάφορα μόρια είναι πιο αργός σε σχέση με το IAA, β) ως ελεύθερο οξύ, το IBA είναι πιθανόν πιο ενεργό σε σχέση με το IAA, και γ) το IBA μπορεί από μόνο του να μην είναι ενεργό, αλλά ασκεί τη δράση του μέσω της μετατροπής του σε IAA (van der Krieken et al., 1997; Stefancic et al., 2005; Krisantini et al., 2006). Η αποτελεσματικότητα τόσο του IBA όσο και του IAA εξαρτάται από τη συγκέντρωση της ενεργής αυξίνης στα σημεία δράσης της και από την ευαισθησία του αντίστοιχου ιστού (van der Krieken et al., 1997).

Το  $\alpha$ -NAA είναι πιο αποτελεσματικό ως ορμόνη σε σχέση με το IBA από άποψη προώθησης της ριζοβολίας (Hartmann et al., 2001; Fabbri et al., 2004). Ωστόσο, έχει διαπιστωθεί δυσκολία στην απόκτηση ομοιόμορφων αποτελεσμάτων με το  $\alpha$ -NAA καθώς και τοξικότητα σε ορισμένα είδη και γι' αυτό η χρήση του περιορίζεται σε φυτικά είδη ή ποικιλίες που δεν ανταποκρίνονται ικανοποιητικά στην εφαρμογή του IBA (Fabbri et al., 2004; Aroglu και Ozeker, 2008). Επομένως, το IBA θεωρείται γενικά η πιο αποτελεσματική αυξίνη για την επαγωγή της ριζοβολίας στα διάφορα ξυλώδη φυτικά είδη και ειδικότερα για τα μοσχεύματα των διαφόρων

ποικιλιών ελιάς (Wiesman και Lavee, 1994; Ford et al., 2001; Hartmann et al., 2001; Fabbri et al., 2004; Sebastiani και Tognetti, 2004; Aroglu και Ozeker, 2008). Εν τούτοις, παρατηρούμε ότι σε ορισμένα φυτικά είδη όπως και στις δύσκολες προς ριζοβολία ποικιλίες ελιάς δεν επιτυγχάνουμε πάντοτε ικανοποιητικά ποσοστά ριζοβολίας με την εφαρμογή αυξίνης, ανεξαρτήτως συγκεντρώσεως και εφαρμοζόμενου τύπου. Συνεπώς, άλλοι παράγοντες πέρα της εφαρμοζόμενης αυξίνης πιθανόν να επηρεάζουν την ικανότητα των μοσχευμάτων για ριζοβολία.

Μεγάλης σημασίας για την επιτυχημένη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς και άλλων φυτικών ειδών είναι η σύσταση του υποστρώματος ριζοβολίας. Το υπόστρωμα θα πρέπει να παρέχει στήριξη στα μοσχεύματα και να επιτρέπει την ανάπτυξη ιδανικών συνθηκών γύρω από τη βάση των μοσχευμάτων για την προώθηση της ριζοβολίας (Fabbri et al., 2004). Πιο συγκεκριμένα, θα πρέπει να επιτρέπει την ανταλλαγή αερίων στη βάση του μοσχεύματος, να παρέχει στο μόσχευμα την κατάλληλη υγρασία και τέλος να δημιουργεί σκοτεινό περιβάλλον για την ανάπτυξη της ρίζας (Hartmann et al., 2001). Πολλά υλικά μπορούν να χρησιμοποιηθούν ως υποστρώματα για τη ριζοβολία των μοσχευμάτων (τύρφη, περλίτης, βερμικουλίτης, άμμος, πριονίδια, ελαφρόπετρα, πετροβάμβακας κ.ά.) μόνα τους ή σε μείγματα σε διάφορες αναλογίες, με συνηθέστερα τον περλίτη και την τύρφη. Επικρατέστερο υλικό όλων είναι ο περλίτης, καθώς είναι φθηνός, ελαφρύς, μπορεί να αποστειρώνεται, παρέχει στα μοσχεύματα καλό αερισμό, κρατάει ικανοποιητική υγρασία (3 με 4 φορές το βάρος του) που είναι περισσότερο από αρκετό για τις ανάγκες ριζοβολίας της ελιάς. Ωστόσο κάποιες ποικιλίες ελιάς δε ριζοβολούν αρκετά καλά όταν χρησιμοποιείται ο περλίτης μόνος του ως υπόστρωμα (Fabbri et al., 2004).

Αρκετά συχνά κυρίως για τη ριζοβολία της ελιάς χρησιμοποιείται μείγμα τύρφη:περλίτη σε αναλογία 1:1 ή 1:2 καθώς με τον τρόπο αυτό επιτυγχάνεται υψηλότερη και καλύτερης ποιότητας ριζοβολία (Hartmann et al., 2001; Fabbri et al., 2004). Εν τούτοις, τα τελευταία χρόνια στην Ευρώπη, στην Αυστραλία και στο Ισραήλ στη φυτωριακή πράξη χρησιμοποιούνται φύλλα ή θήκες πετροβάμβακα και γλαστράκια ή θήκες τύρφης (jiffy pots) στα οποία φυτεύεται απευθείας το μόσχευμα και παραμένει μέχρι να ριζοβολήσει. Στη συνέχεια το ριζοβολημένο μόσχευμα μαζί με το υπόστρωμα μεταφυτεύονται και με τον τρόπο αυτό επιτυγχάνεται ελάχιστη διατάραξη του ριζικού συστήματος.

Η περίοδος του έτους κατά την οποία λαμβάνονται τα μοσχεύματα μπορεί να διαδραματίσει σημαντικό ρόλο στη ριζοβολία (Porlingis και Therios, 1976; Hartmann et al., 2001; Mousa, 2003; Sebastiani και Tognetti, 2004), καθώς για ορισμένα φυτικά είδη υπάρχει μια συγκεκριμένη βέλτιστη περίοδος του έτους για ριζοβολία. Η καταλληλότερη εποχή για τη λήψη των μοσχευμάτων θα πρέπει να προσδιορίζεται με βάση τη φυσιολογική κατάσταση του φυτού και όχι με βάση την εποχή του έτους (Hartmann et al., 2001). Όσον αφορά τα μοσχεύματα της ελιάς ικανοποιητική ριζοβολία μπορεί να επιτευχθεί το καλοκαίρι, ενώ τα ποσοστά ριζοβολίας είναι πολύ χαμηλά ή μηδενίζονται όταν τα μοσχεύματα λαμβάνονται στα μέσα του χειμώνα (Fouad et al., 1990; Mancuso, 1998; Hartmann et al., 2001). Αντιθέτως, ο Mousa (2003) αναφέρει ότι το υψηλότερο ποσοστό ριζοβολίας καθώς και αυξημένος αριθμός ριζών παρατηρήθηκε για τα μοσχεύματα που φυτεύτηκαν το μήνα Δεκέμβριο. Επίσης, οι Sebastiani και Tognetti (2004) παρατήρησαν ικανοποιητικά ποσοστά ριζοβολίας για τα μοσχεύματα ελιάς που φυτεύτηκαν τους μήνες Οκτώβριο και Νοέμβριο. Ωστόσο, οι Porlingis και Therios (1976) αναφέρουν ότι τα νεανικά μοσχεύματα ελιάς ριζοβολούν ικανοποιητικά καθ' όλη τη διάρκεια του έτους, με μια μικρή μείωση της ριζοβολίας για την περίοδο του Σεπτεμβρίου, ενώ τα ενήλικα μοσχεύματα ελιάς παρουσιάζουν αυξημένη ριζοβολία το καλοκαίρι.

Σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η εύρεση του καλύτερου υποστρώματος ριζοβολίας, της καταλληλότερης εποχής συλλογής και φύτευσης των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς καθώς και των συγκεντρώσεων των αυξινών που εφαρμόζονται εξωγενώς για την αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς.

## 2. Υλικά και Μέθοδοι

### 2.1 Εισαγωγή

Το πείραμα διεξήχθη στη μονάδα υδρονέφωσης που διαθέτουν τα φυτώρια Κωστελένου στον Πόρο Τροιζηνίας και στο εργαστήριο Δενδροκομίας του Γεωπονικού Πανεπιστημίου Αθηνών και πραγματοποιήθηκε σε δύο περιόδους το καλοκαίρι (Ιούλιος-Οκτώβριος 2008) και το φθινόπωρο (Σεπτέμβριος-Δεκέμβριος 2008). Σε όλη τη διάρκεια της διεξαγωγής του πειράματος, γινόταν λεπτομερής καταγραφή όλων των εργασιών καθώς επίσης και της θερμοκρασίας της ατμόσφαιρας και του υποστρώματος μέσα στη μονάδα της υδρονέφωσης.

### 2.2 Φυτικό υλικό

Χρησιμοποιήθηκαν τρεις ποικιλίες ελιάς που σύμφωνα με τους Fontanazza (1993) και Wiesman και Lavee (1995) έχουν διαφορετική ικανότητα ριζοβολίας. Η ‘Arbequina’ που θεωρείται εύκολη στη ριζοβολία, η ‘Καλαμών’ που είναι δύσκολη στη ριζοβολία και η ‘Μαστοειδής’ που θεωρείται μέτριας ικανότητας ριζοβολίας. Τα μητρικά φυτά, ηλικίας 15 ετών, δέχτηκαν κατά τη χειμερινή περίοδο μέτρια αυστηρό κλάδεμα, ώστε να προωθηθεί η ανάπτυξη νέας βλάστησης κατά την περίοδο της ανοίξεως. Καθ’ όλη τη βλαστική περίοδο πραγματοποιούνταν όλες οι απαραίτητες καλλιεργητικές φροντίδες (πότισμα, λίπανση, φυτοπροστασία), ώστε να εξασφαλιστεί υγιής και εύρωστη νέα βλάστηση που θα αποτελέσει την πηγή μοσχευμάτων.

Τα μοσχεύματα που ελήφθησαν από τα μητρικά φυτά προέρχονταν από ημιξυλοποιημένη νέα βλάστηση. Οι διαστάσεις των μοσχευμάτων ήταν όσο το δυνατό τυποποιημένες προς αποφυγή παραλλακτικότητας, με μήκος περίπου 7 cm και διάμετρο μικρότερη από 5 mm. Τα μοσχεύματα και των τριών ποικιλιών έφεραν 4 φύλλα (Εικόνες 1, 2 και 3).



**Εικόνα 1.** Μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina'.



**Εικόνα 2.** Μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών'.



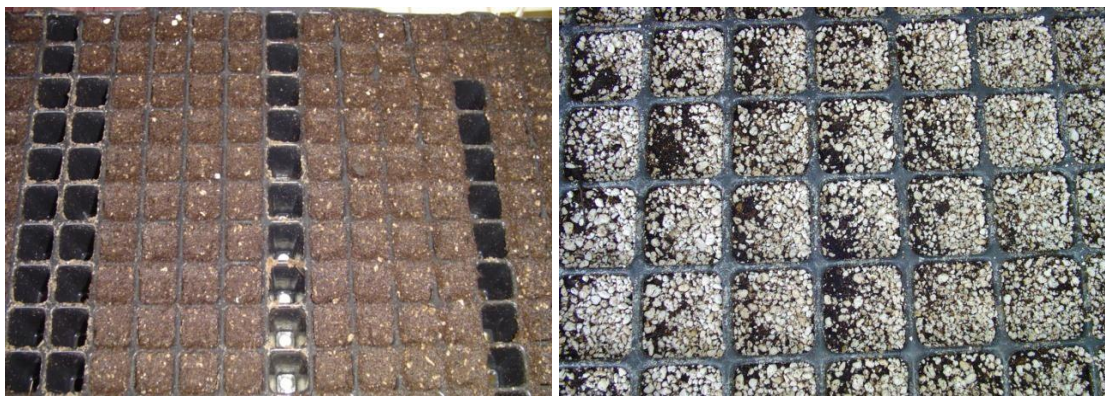
**Εικόνα 3.** Μοσχεύματα της ποικιλίας 'Μαστοειδής'.



### 2.3 Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων

Τα μοσχεύματα δέχτηκαν μεταχειρίσεις με δύο αυξίνες: α) ινδολο-βουτυρικό οξύ (IBA) και β) α-ναφθαλοξικό οξύ (α-NAA) σε τέσσερις συγκεντρώσεις (500 mg L<sup>-1</sup>, 1000 mg L<sup>-1</sup>, 2000 mg L<sup>-1</sup> και 4000 mg L<sup>-1</sup>) για την κάθε ορμόνη και σε συνδυασμό των δύο αυξινών σε τρεις συγκεντρώσεις (500 mg L<sup>-1</sup>, 1000 mg L<sup>-1</sup> και 2000 mg L<sup>-1</sup>). Τα μοσχεύματα πριν φυτευτούν εμβαπτίστηκαν ολόκληρα μέσα σε μυκητοκτόνο διάλυμα (Captan 83% WP/1,5 g L<sup>-1</sup>), αφέθηκαν να στεγνώσουν για λίγα λεπτά και στη συνέχεια εμβαπτίστηκε η βάση τους για 5 sec σε ορμονικό διάλυμα 45% v/v αιθανόλης/απεσταγμένου νερού. Αναλυτικά, οι επεμβάσεις που έλαβαν χώρα ήταν οι εξής: IBA 500 mg L<sup>-1</sup>, IBA 1000 mg L<sup>-1</sup>, IBA 2000 mg L<sup>-1</sup>, IBA 4000 mg L<sup>-1</sup>, α-NAA 500 mg L<sup>-1</sup>, α-NAA 1000 mg L<sup>-1</sup>, α-NAA 2000 mg L<sup>-1</sup>, α-NAA 4000 mg L<sup>-1</sup>, IBA+α-NAA 500 mg L<sup>-1</sup>, IBA+α-NAA 1000 mg L<sup>-1</sup> και IBA+α-NAA 2000 mg L<sup>-1</sup>.

Παράλληλα για τη φύτευση των μοσχευμάτων χρησιμοποιήθηκαν θήκες στις οποίες δοκιμάστηκαν δύο υποστρώματα ένα οργανικό υπόστρωμα με βάση την τύρφη-jiffy pots (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands) (θα αναφέρεται εξής για λόγους συντομίας ως οργανικό υπόστρωμα) και μείγμα τύρφης-περλίτης σε αναλογία 1:1. Κάθε μία θήκη με το οργανικό υπόστρωμα περιελάμβανε 240 θέσεις μοσχευμάτων, ενώ κάθε θήκη με το υπόστρωμα τύρφη-περλίτης αποτελούνταν από 96 θέσεις μοσχευμάτων.



**Εικόνα 4.** Θήκες για τη φύτευση των μοσχευμάτων με οργανικό υπόστρωμα με βάση τη τύρφη-jiffy pots (αριστερά) (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands) και υπόστρωμα τύρφη-περλίτης σε αναλογία 1:1 (δεξιά).

Μετά τη φύτευση τα μοσχεύματα τοποθετήθηκαν πάνω σε τσιμεντένιο παρτέρι που βρίσκονταν σε θερμοκήπιο με εγκατεστημένο σύστημα υδρονέφωσης. Εντός της μονάδας υδρονέφωσης, πάνω από τους πάγκους φύτευσης των μοσχευμάτων, εγκαταστάθηκε αισθητήρας μέτρησης της θερμοκρασίας της ατμόσφαιρας και του υποστρώματος (WatchDog Model 125, Spectrum Technologies) (βλέπε παράρτημα Β).

#### **2.4 Μετρήσεις που πραγματοποιήθηκαν**

Στο τέλος της περιόδου ριζοβολίας (περίπου τρεις μήνες μετά την ημέρα φύτευσης) (Οκτώβριος 2008) μετρήθηκαν: α) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που ριζοβόλησαν, β) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σάπισαν και γ) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σχημάτισαν κάλλο. Μετρήθηκαν επίσης, ο αριθμός και το μήκος των σχηματιζόμενων ριζών. Αντίστοιχες μετρήσεις διεξήχθησαν στις 2 Δεκεμβρίου 2008 για τα μοσχεύματα που είχαν εγκατασταθεί στη μονάδα της υδρονέφωσης τρεις μήνες νωρίτερα (Σεπτέμβριος 2008).

#### **2.5 Πειραματικό σχέδιο και στατιστική ανάλυση**

Το πειραματικό σχέδιο που ακολουθήθηκε κατά το σχεδιασμό και την εκτέλεση του πειράματος ήταν το εντελώς τυχαίοποιημένο σχέδιο. Στο πείραμα (όπως περιγράφηκε προηγούμενα) εφαρμόστηκαν 11 επεμβάσεις με ορμόνες και 2 με υποστρώματα. Για κάθε επέμβαση πραγματοποιήθηκαν 4 επαναλήψεις με 100 μοσχεύματα ανά επανάληψη. Ο συνολικός αριθμός μοσχευμάτων που χρησιμοποιήθηκαν ήταν 52.800 μοσχεύματα, δηλαδή 26.400 ανά εποχή και για τις τρεις μελετώμενες ποικιλίες (8.800 μοσχεύματα ανά ποικιλία) (11 ορμονικές επεμβάσεις x 2 υποστρώματα x 4 επαναλήψεις x 100 μοσχεύματα ανά επανάληψη x 3 ποικιλίες).

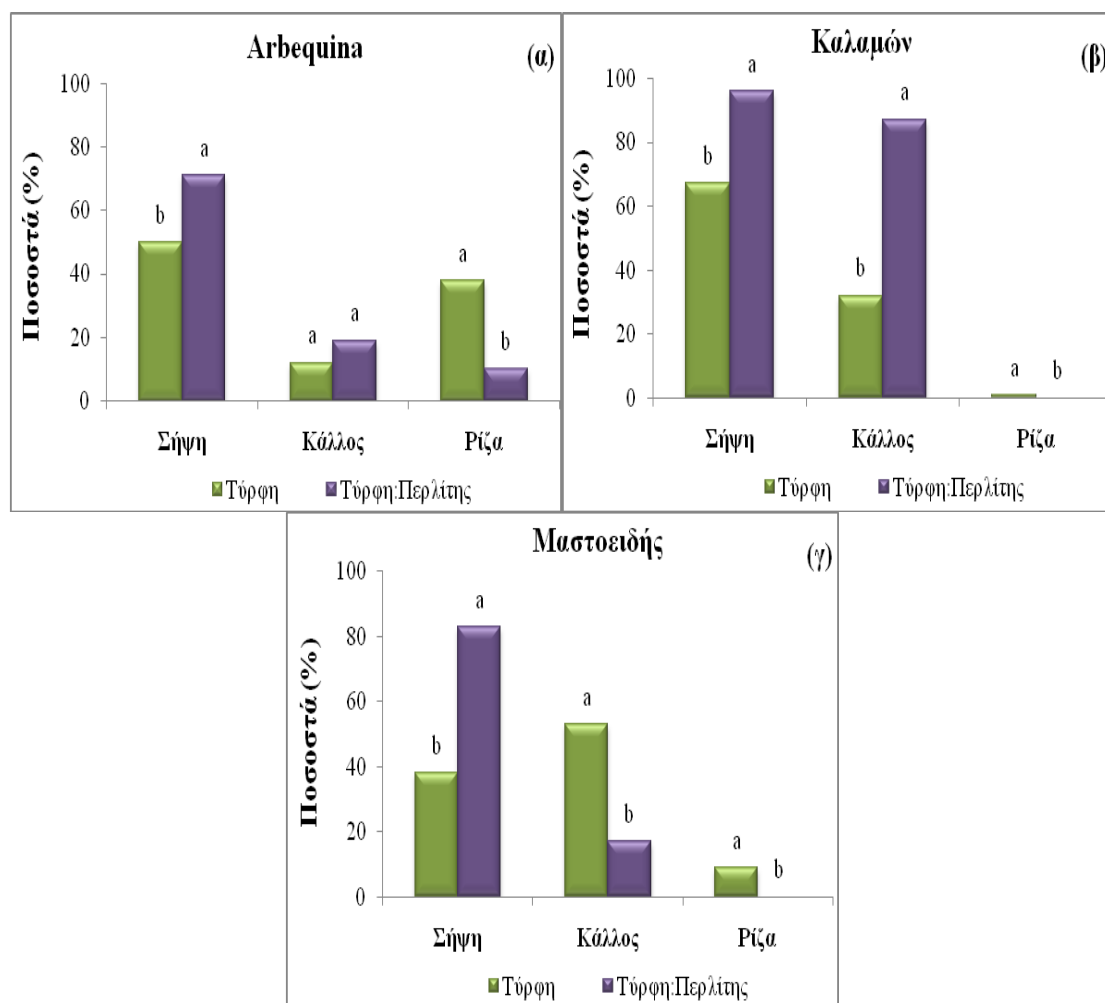
Η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων για τα ποσοστά ριζοβολίας έγινε ως πολυ-παραγοντικό πείραμα (ορμονικές επεμβάσεις, ποικιλία, εποχή και υπόστρωμα). Οι σημαντικές διαφορές βρέθηκαν χρησιμοποιώντας το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία του Tukey's HSD, σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$ . Η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων έγινε με το στατιστικό πακέτο JMP 7 για τα Windows. Τα αποτελέσματα περιγράφονται αναλυτικά παρακάτω σε πίνακες και σχεδιαγράμματα.



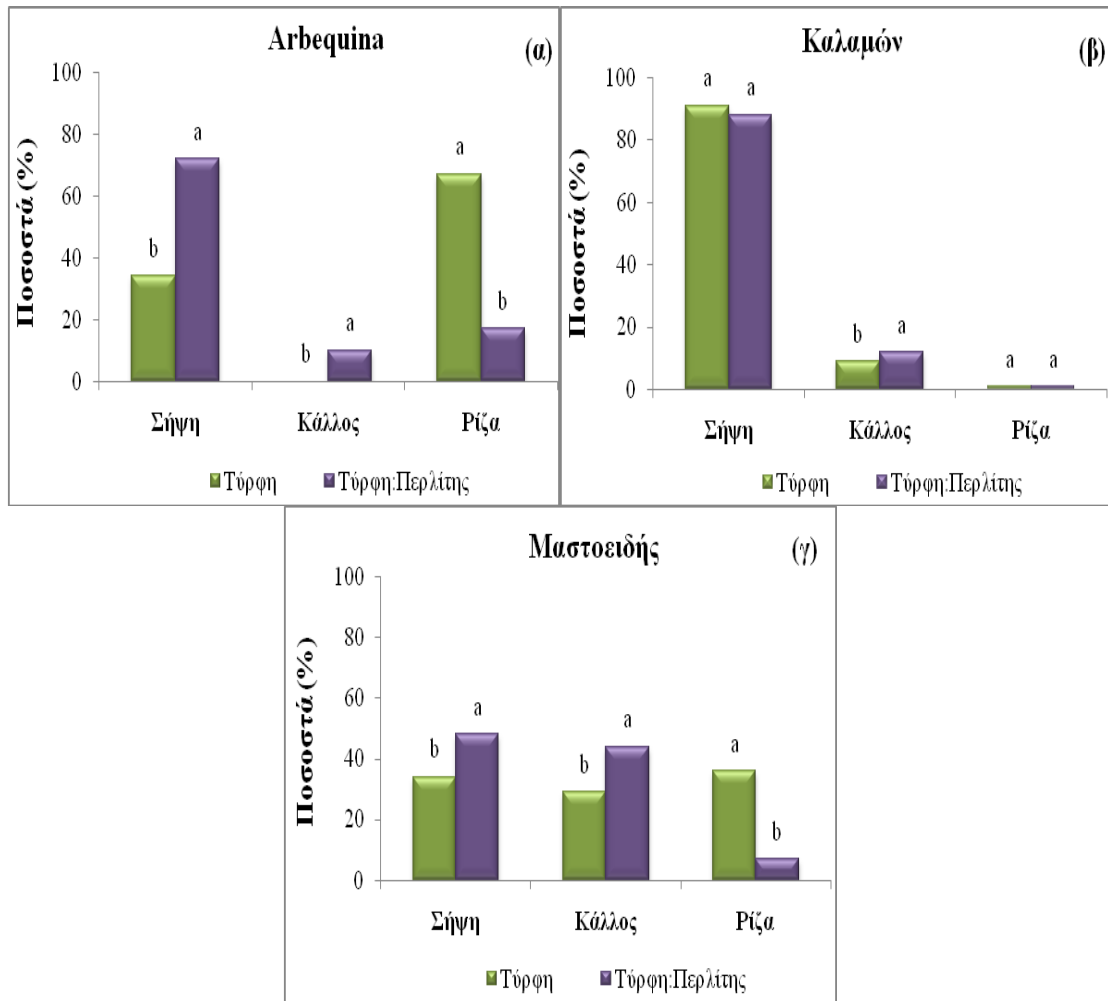
### 3. Αποτελέσματα

#### 3.1 Επίδραση της εποχής στο ποσοστό ριζοβολίας

Όσον αφορά την επίδραση της εποχής, ανεξαρτήτου υποστρώματος και επέμβασης με ορμόνη, οι ποικιλίες ‘Arbequina’ και ‘Μαστοειδής’ παρουσίασαν τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας το φθινόπωρο (Σχεδ. 2). Αντιθέτως, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ριζοβόλησαν καλύτερα το καλοκαίρι, χωρίς όμως τα ποσοστά αυτά να είναι στατιστικά σημαντικά υψηλότερα σε σχέση με αυτά του φθινοπώρου (Σχεδ. 1 και 2).



**Σχεδιάγραμμα 1.** Επίδραση του υποστρώματος στη ριζοβολία των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’, ‘Καλαμών’ και ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του καλοκαιριού (2008). Μέσοι που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=4$ ).



**Σχεδιάγραμμα 2.** Επίδραση του υποστρώματος στη ριζοβολία των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’, ‘Καλαμών’ και ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του φθινοπώρου (2008). Μέσοι που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=4$ ).

### 3.2 Επίδραση του υποστρώματος στη ριζοβολία

Τα αποτελέσματα των πειραμάτων δείχνουν ότι τα μοσχεύματα και των τριών ποικιλιών, ανεξαρτήτου επέμβασης και εποχής, ριζοβόλησαν καλύτερα στο οργανικό υπόστρωμα, έναντι του υποστρώματος τύρφης-περλίτη (Σχεδ. 1 και 2). Στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη καταγράφηκε το υψηλότερο ποσοστό σήψεων των μοσχευμάτων τόσο για το καλοκαίρι όσο και για το φθινόπωρο και στις τρεις μελετώμενες ποικιλίες (Σχεδ. 1 και 2).

Στο οργανικό υπόστρωμα παρατηρούμε ότι τα ριζοβολημένα φυτά ανέπτυξαν πλουσιότερο ριζικό σύστημα με πυκνότερες και μεγαλύτερες ρίζες. Αναλυτικότερα, ο

πίνακας 1 δείχνει ότι ο συνδυασμός IBA+ $\alpha$ -NAA 1000 mg L<sup>-1</sup> προώθησε την ανάπτυξη των ριζών στην ποικιλία ‘Arbequina’ στο οργανικό υπόστρωμα με μέσο όρο αριθμό ριζών 6 ανά μόσχευμα. Στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη καλύτερες ήταν οι επεμβάσεις με IBA 1000 mg L<sup>-1</sup> και IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> με 5,4 και 4,8 ρίζες ανά μόσχευμα, αντίστοιχα. Στην ποικιλία ‘Μαστοειδής’, η εφαρμογή IBA 1000 mg L<sup>-1</sup> αύξησε τον αριθμό των ριζών ανά μόσχευμα και στα δύο υπό μελέτη υποστρώματα με μέσο όρο 2,7 ρίζες ανά μόσχευμα στο οργανικό υπόστρωμα και 1,2 στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη. Τέλος, για την ποικιλία ‘Καλαμών’ αμφότερες οι επεμβάσεις με IBA 1000 mg L<sup>-1</sup> και IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> προώθησαν την ανάπτυξη πλουσιότερου ριζικού συστήματος με 3,7 και 3,5 ρίζες ανά μόσχευμα, αντίστοιχα.

Στον πίνακα 2 παρατηρούμε ότι στο οργανικό υπόστρωμα στην ποικιλία ‘Arbequina’ οι μεταχειρίσεις με IBA 1000 mg L<sup>-1</sup> και IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> έδωσαν τον υψηλότερο αριθμό ριζών ανά μόσχευμα (μέσος όρος 5,2 και 5,7 ρίζες ανά μόσχευμα), αντίστοιχα. Οι τιμές αυτές μάλιστα διέφεραν σημαντικά από τις αντίστοιχες των IBA 4000 mg L<sup>-1</sup>,  $\alpha$ -NAA 1000 mg L<sup>-1</sup> και  $\alpha$ -NAA 2000 mg L<sup>-1</sup>. Τη μικρότερη τιμή στο υπόστρωμα αυτό είχε η επέμβαση με  $\alpha$ -NAA 2000 mg L<sup>-1</sup> (1,1 ρίζες ανά μόσχευμα). Στην ίδια ποικιλία για το υπόστρωμα τύρφης-περλίτη, καλύτερη ήταν η επέμβαση με IBA 500 mg L<sup>-1</sup> (4,2 ρίζες ανά μόσχευμα). Η τιμή αυτή μάλιστα ήταν σημαντικά υψηλότερη από ορισμένες, αλλά όχι όλες τις υπόλοιπες επεμβάσεις. Αξιοσημείωτο είναι ότι στο υπόστρωμα αυτό οι επεμβάσεις  $\alpha$ -NAA 2000 mg L<sup>-1</sup> και  $\alpha$ -NAA 4000 mg L<sup>-1</sup>, παρουσίασαν μηδενική ριζοβολία.

Όσον αφορά την ποικιλία ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του φθινοπώρου (Πίνακας 2) στο οργανικό υπόστρωμα, ο μεγαλύτερος αριθμός ριζών (4 ρίζες ανά μόσχευμα) παρατηρήθηκε για την επέμβαση με IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> και ο μικρότερος αριθμός ριζών για την επέμβαση IBA+ $\alpha$ -NAA 500 mg L<sup>-1</sup> με τιμή 1,2 ρίζες ανά μόσχευμα. Στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη καλύτερη ήταν η επέμβαση με  $\alpha$ -NAA 500 mg L<sup>-1</sup> με 2,4 ρίζες ανά μόσχευμα. Αντιθέτως, η εφαρμογή  $\alpha$ -NAA 2000 mg L<sup>-1</sup> οδήγησε σε πολύ μικρό αριθμό ριζών (0,3 ρίζες ανά μόσχευμα), ενώ η επέμβαση IBA+ $\alpha$ -NAA 2000 mg L<sup>-1</sup> δεν έδωσε καμία ρίζα. Τέλος, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ οι μοναδικές επεμβάσεις, οι οποίες προώθησαν τη ριζοβολία και επομένως και την ανάπτυξη περισσότερων ριζών, ήταν στο οργανικό υπόστρωμα με  $\alpha$ -NAA 500 mg L<sup>-1</sup> (3,2 ρίζες ανά μόσχευμα) και στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη με  $\alpha$ -NAA 1000 mg L<sup>-1</sup> (1,9 ρίζες ανά μόσχευμα).

**Πίνακας 1.** Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στον αριθμό των ριζών ανά μόσχευμα στις ποικιλίες ‘Arbequina’, ‘Καλαμών’ και ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του καλοκαιριού (2008).

Επεμβάσεις	Arbequina			Μαστοειδής			Καλαμών		
	Οργανικό υπόστρωμα	Τύρφη-Περλίτης	Οργανικό υπόστρωμα	Τύρφη-Περλίτης	Οργανικό υπόστρωμα	Τύρφη-Περλίτης	Οργανικό υπόστρωμα	Τύρφη-Περλίτης	
IBA 500 mg L <sup>-1</sup>	3bc	3,3b	0,2b	0b	2ab	0a	0a	0a	
IBA 1000 mg L <sup>-1</sup>	5ab	<b>5,4a</b>	<b>2,7a</b>	<b>1,2a</b>	3,5a	0a	0a	0a	
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	5,5a	4,8a	1,4ab	0b	<b>3,7a</b>	0a	0a	0a	
IBA 4000 mg L <sup>-1</sup>	2,7cd	4ab	1,5ab	0b	0b	0a	0a	0a	
α-NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	3,9abc	2,8b	1,7a	0b	0b	0a	0a	0a	
α-NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	2,7cd	4,3ab	2,2a	1a	2,5ab	0a	0a	0a	
α-NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	0d	0c	0,3ab	0b	0b	0a	0a	0a	
α-NAA 4000 mg L <sup>-1</sup>	3,3abc	0c	2a	0b	0b	0a	0a	0a	
IBA+α-NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	4,8ab	4,2ab	2a	0b	0b	0a	0a	0a	
IBA+α-NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	<b>6a</b>	3,8ab	2,3a	0b	0b	0a	0a	0a	
IBA+α-NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	4abc	3,8ab	1,5ab	0b	0b	0a	0a	0a	

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=4$ ).

**Πίνακας 2.** Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στον αριθμό των ριζών ανά μίσχευμα στις ποικιλίες ‘Arbequina’, ‘Καλαμών’ και ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του φθινοπώρου (2008).

Επεμβάσεις	Arbequina		Μαστοειδής		Καλαμών	
	Οργανικό υπόστρωμα	Τύρφη-Περγίτης	Οργανικό υπόστρωμα	Τύρφη-Περγίτης	Οργανικό υπόστρωμα	Τύρφη-Περγίτης
IBA 500 mg L <sup>-1</sup>	3,5abc	<b>4,2a</b>	3,3ab	1,3ab	0b	0b
IBA 1000 mg L <sup>-1</sup>	5,2a	3,4ab	3,6a	2,2a	0b	0b
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	<b>5,7a</b>	3,8a	<b>4a</b>	0,5b	0b	0b
IBA 4000 mg L <sup>-1</sup>	2cd	2,6b	2,9abc	0,3b	0b	0b
α-NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	3,3abc	2,8b	3,1a	<b>2,4a</b>	<b>3,2a</b>	0b
α-NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	2,1cd	4a	3,5a	2a	0b	<b>1,9a</b>
α-NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	1,1d	0c	2,2bc	0,3b	0b	0b
α-NAA 4000 mg L <sup>-1</sup>	3,3abc	0c	2,8abc	1,8a	0b	0b
IBA+α-NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	3,8abc	4a	1,2c	1b	0b	0b
IBA+α-NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	5ab	3,6ab	3,2a	1,9a	0b	0b
IBA+α-NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	4,2ab	3,5ab	2,5bc	0c	0b	0b

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στηλής που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=4$ ).

### 3.3 Επίδραση της ποικιλίας στη ριζοβολία

Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας επιτεύχθηκαν στην ποικιλία ‘Arbequina’ που έφθαναν μέχρι το ποσοστό 96% για την περίοδο του φθινοπώρου (Πίνακας 3), με δεύτερη την ποικιλία ‘Μαστοειδής’ με ποσοστό ριζοβολίας μέχρι 60% (Πίνακας 4) και τελευταία την ποικιλία ‘Καλαμών’ με πολύ μικρά ποσοστά ριζοβολίας (2-3%) (Πίνακας 5) (Εικόνες 5, 6 και 7).



**Εικόνα 5.** Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ που ριζοβόλησαν, σχημάτισαν κάλλο ή σάπισαν.



**Εικόνα 6.** Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Μαστοειδής’ που σχημάτισαν κάλλο ή σάπισαν.



Εικόνα 7. Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ που σχημάτισαν κάλλο ή σάπισαν.

### 3.4 Επίδραση των ορμονών και των διαφόρων συγκεντρώσεων αυτών στη ριζοβολία φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς

Αναφορικά με την επίδραση των ορμονών τα αποτελέσματα έδειξαν τα ακόλουθα: Στην ποικιλία ‘Arbequina’ στο οργανικό υπόστρωμα, οι μεταχειρίσεις με IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> τόσο για την περίοδο του καλοκαιριού όσο και για την περίοδο του φθινοπώρου έδωσαν τα καλύτερα ποσοστά ριζοβολίας, ήτοι 76% και 96% αντίστοιχα (Πίνακας 3) (Εικόνα 5). Στην περίπτωση μάλιστα του καλοκαιριού η τιμή αυτή ήταν σημαντικά υψηλότερη από τις αντίστοιχες των υπόλοιπων επεμβάσεων. Παρατηρήθηκε επίσης ότι αυξανόμενη της συγκέντρωσης του α-NAA μειώνεται το ποσοστό ριζοβολίας και στις δύο εποχές. Στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη τα καλύτερα ποσοστά ριζοβολίας επιτεύχθηκαν με την εφαρμογή IBA 500 mg L<sup>-1</sup> την περίοδο του καλοκαιριού (41%) και με το συνδυασμό IBA+α-NAA 500 mg L<sup>-1</sup> την περίοδο του φθινοπώρου (37%). Αξιοσημείωτο είναι το γεγονός ότι το καλοκαίρι η επέμβαση με την ορμόνη α-NAA σε συγκέντρωση 2000 mg L<sup>-1</sup> και στα δύο υποστρώματα οδήγησε σε 100% σήψη των μοσχευμάτων. Επίσης, την περίοδο του καλοκαιριού η εφαρμογή IBA 500 mg L<sup>-1</sup> φαίνεται να προώθησε την ανάπτυξη κάλλου και στα δύο υπό μελέτη υποστρώματα, με ποσοστά που έφταναν στο 36% στο οργανικό υπόστρωμα και 40% στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη (Πίνακας 3). Αντιθέτως, το φθινόπωρο στο οργανικό υπόστρωμα δεν παρατήθηκε καθόλου σχηματισμός κάλλου, ενώ στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη είχαμε σχηματισμό κάλλου, σε μικρότερο όμως ποσοστό σε σχέση με το καλοκαίρι και χωρίς στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ των ορμονικών επεμβάσεων.



**Πίνακας 3.** Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Arbequina’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2008).

Παράμετρος	Arbequina											
	Καλοκαίρι						Φθινόπωρο					
	Οργανικό υπόστρωμα		Υπόστρωμα τύρφη-περλίτης		Οργανικό υπόστρωμα		Υπόστρωμα τύρφη-περλίτης		Οργανικό υπόστρωμα		Υπόστρωμα τύρφη-περλίτης	
	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα
	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%
IBA 500 mg L <sup>-1</sup>	40d	36a	24d	19g	40a	<b>41a</b>	40abc	0a	60bcde	57c	16a	27ab
IBA 1000 mg L <sup>-1</sup>	49c	24bcd	27d	57e	31b	13c	40abc	0a	60bcde	68abc	8a	24abc
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	2f	23bcd	<b>76a</b>	58e	32b	10c	4d	0a	<b>96a</b>	77abc	10a	13bc
IBA 4000 mg L <sup>-1</sup>	67b	30ab	19e	84c	15d	1de	48ab	0a	52cde	95a	2a	3c
α-NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	39d	18d	43c	42f	24c	34b	14cd	0a	86abc	74abc	12a	14bc
α-NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	65b	21cd	14f	64d	21c	10c	26bcd	0a	74abcd	61bc	17a	22abc
α-NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	100a	0e	0h	100a	0f	0e	68a	0a	32e	68abc	14a	18abc
α-NAA 4000 mg L <sup>-1</sup>	72b	25bcd	4gh	92b	8e	0e	48ab	0a	52cde	67abc	11a	22abc
IBA+α-NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	23e	20cd	56b	86c	10e	4d	16bcd	0a	84abc	53c	10a	<b>37a</b>
IBA+α-NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	30e	18d	52b	85c	12de	3de	10cd	0a	90ab	87ab	5a	8bc
IBA+α-NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	65b	28abc	7g	88bc	10e	3de	62a	0a	38de	90a	4a	6c

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=4$ ).



Στην ποικιλία ‘Μαστοειδής’ η καλύτερη μεταχείριση στο οργανικό υπόστρωμα ήταν το  $\alpha$ -NAA 1000 mg L<sup>-1</sup> και για τις δύο εποχές, με ποσοστά ριζοβολίας 32% την περίοδο του καλοκαιριού και 60% την περίοδο του φθινοπώρου (Πίνακας 4). Ειδικότερα το καλοκαίρι το ποσοστό ριζοβολίας (32%) ήταν σημαντικά υψηλότερο από τις αντίστοιχες τιμές για το ίδιο υπόστρωμα και εποχή με εξαίρεση την επέμβαση  $\alpha$ -NAA 500 mg L<sup>-1</sup> που είχε παρόμοια τιμή (31%). Την ίδια εποχή (καλοκαίρι) και στο ίδιο υπόστρωμα το  $\alpha$ -NAA προώθησε καλύτερα τη ριζοβολία σε σχέση με το IBA. Όσον αφορά το υπόστρωμα τύρφης-περλίτη την περίοδο του καλοκαιριού παρατηρήθηκαν αυξημένα ποσοστά σήψεων σχεδόν για όλες τις μεταχειρίσεις, με εξαίρεση την ορμόνη IBA 1000 mg L<sup>-1</sup> και  $\alpha$ -NAA 1000 mg L<sup>-1</sup> με την εφαρμογή των οποίων επιτεύχθηκε ριζοβολία σε ποσοστό 5% και 1%, αντίστοιχα (Πίνακας 4). Τέλος, το φθινόπωρο τα ποσοστά σήψεων ήταν μικρότερα σε σχέση με την καλοκαιρινή περίοδο και η καλύτερη μεταχείριση ήταν η εφαρμογή  $\alpha$ -NAA σε συγκέντρωση 500 mg L<sup>-1</sup> με ποσοστό ριζοβολίας 12%.

Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου υποστρώματος, ορμονικής μεταχείρισης και εποχής παρατηρήθηκαν ιδιαίτερα υψηλά ποσοστά σήψεων που τις περισσότερες φορές αντιστοιχούσαν στο 100% των μοσχευμάτων (Πίνακας 5). Εξαίρεση αποτέλεσαν στο οργανικό υπόστρωμα το καλοκαίρι οι μεταχειρίσεις με IBA 500 mg L<sup>-1</sup>, IBA 1000 mg L<sup>-1</sup>,  $\alpha$ -NAA 1000 mg L<sup>-1</sup> με τις οποίες παρατηρήθηκαν ποσοστά ριζοβολίας 2% και IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> με ποσοστό 3%. Για την περίοδο του φθινοπώρου, ριζοβολία επιτεύχθηκε μόνο με τη χρήση  $\alpha$ -NAA 500 mg L<sup>-1</sup> σε ποσοστό 2% (Πίνακας 5). Τέλος, στο υπόστρωμα τύρφης-περλίτη η μοναδική μεταχείριση με την οποία τα μοσχεύματα ριζοβόλησαν σε ποσοστό 2% ήταν το  $\alpha$ -NAA 1000 mg L<sup>-1</sup> και μόνο για την περίοδο του φθινοπώρου.

**Πίνακας 4.** Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Μαστοειδής’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2008).

Παράμετρος	Μαστοειδής														
	Καλοκαίρι						Φθινόπωρο								
	Οργανικό υπόστρωμα		Υπόστρωμα τύρφη-περλίτης		Οργανικό υπόστρωμα		Υπόστρωμα τύρφη-περλίτης		Οργανικό υπόστρωμα		Υπόστρωμα τύρφη-περλίτης				
	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα	Σήψη	Κάλλος	Ρίζα
	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%	%
IBA 500 mg L <sup>-1</sup>	10e	90a	0e	78d	22c	0c	14c	54a	32abc	39cd	56a	5a			
IBA 1000 mg L <sup>-1</sup>	83a	17g	0e	81bcd	14f	<b>5a</b>	24abc	28ab	48ab	35cd	57a	8a			
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	25d	75b	0e	80cd	20cd	0c	22 abc	22ab	56ab	35cd	63a	2a			
IBA 4000 mg L <sup>-1</sup>	27d	68c	5cd	84b	16ef	0c	38abc	35ab	27abc	53bc	45ab	2a			
α-NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	29d	40de	31a	100a	0g	0c	36 abc	30ab	34abc	41cd	47ab	<b>12a</b>			
α-NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	24d	44d	<b>32a</b>	80cd	19cde	1b	18bc	22ab	<b>60a</b>	15d	74a	11a			
α-NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	64b	34f	2de	100a	0g	0c	52abc	24ab	24bc	92a	7c	2a			
α-NAA 4000 mg L <sup>-1</sup>	62bc	38ef	0e	83bc	17def	0c	37abc	32ab	31abc	45cd	45ab	10a			
IBA+α-NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	28d	65c	7c	57f	43a	0c	56ab	32ab	12c	cd	38abc	4a			
IBA+α-NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	12e	66c	22b	62e	38b	0c	32abc	26ab	42abc	32	60a	8a			
IBA+α-NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	57c	41de	2de	98a	2f	0c	58a	10b	32abc	87ab	13bc	0b			

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=4$ ).

**Πίνακας 5.** Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στα ποσοστά ρίζοβολίας της ποικιλίας 'Καλαμών' κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2008).

Παράμετρος	Καλαμών											
	Καλοκαίρι					Φθινόπωρο						
	Οργανικό υπόστρωμα		Υπόστρωμα τύφφη-περγόλης		Κλάσος %	Οργανικό υπόστρωμα		Υπόστρωμα τύφφη-περγόλης		Κλάσος %		
Σήψη	Ρίζα	Σήψη	Ρίζα	Σήψη		Ρίζα	Σήψη	Ρίζα				
IBA 500 mg L <sup>-1</sup>	53e	45b	2a	75b	25c	0a	70b	30a	0b	91a	9b	0b
IBA 1000 mg L <sup>-1</sup>	64d	35c	2a	100a	0a	0a	92a	8b	0b	62b	38a	0b
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	57e	40bc	<b>3a</b>	100a	0a	0a	96a	4b	0b	100a	0b	0b
IBA 4000 mg L <sup>-1</sup>	80b	20d	0b	100a	0a	0a	98a	2b	0b	97a	3b	0b
NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	65d	35c	0b	100a	0a	0a	92ab	6b	<b>2a</b>	75a	25b	0b
NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	62d	37c	2a	100a	0a	0a	88ab	12ab	0b	88a	10b	<b>2a</b>
NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	80b	20d	0b	100a	0a	0a	96a	4b	0b	97a	3b	0b
NAA 4000 mg L <sup>-1</sup>	75c	25d	0b	100a	0a	0a	90ab	10b	0b	88a	12b	0b
IBA+NAA 500 mg L <sup>-1</sup>	25f	75a	0b	65c	35b	0a	92a	8b	0b	92a	8b	0b
IBA+NAA 1000 mg L <sup>-1</sup>	100a	0e	0b	100a	0a	0a	98a	2b	0b	85a	15b	0b
IBA+NAA 2000 mg L <sup>-1</sup>	75c	25d	0b	100a	0a	0a	94a	6b	0b	95a	5b	0b

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία τωνλλατών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=4$ ).

#### 4. Συζήτηση

Σύμφωνα με τα αποτελέσματα των πειραμάτων τα φυλλοφόρα μοσχεύματα και των τριών ποικιλιών ελιάς, ανεξαρτήτου επέμβασης και εποχής, ριζοβόλησαν καλύτερα στο οργανικό υπόστρωμα έναντι του υποστρώματος τύρφης-περλίτη (Σχεδ. 1 και 2). Επίσης στο οργανικό υπόστρωμα τα ριζοβολημένα φυτά ανέπτυξαν πλουσιότερο ριζικό σύστημα με πυκνότερες και μεγαλύτερες ρίζες (Πίνακες 1 και 2). Η καλύτερη ριζοβολία των μοσχευμάτων στο οργανικό υπόστρωμα πιθανόν να οφείλεται στην υψηλότερη συγκέντρωση οργανικής ουσίας, που βοηθάει στη συγκράτηση και διατήρηση της υγρασίας κάτι το οποίο είναι μεγίστης σημασίας για τη φυσιολογική ανάπτυξη της ρίζας (Shiembu et al., 1996). Επιπλέον, η υψηλή συγκέντρωση οργανικής ουσίας έχει ως αποτέλεσμα το υπόστρωμα αυτό να είναι πλουσιότερο σε θρεπτικά στοιχεία και έτσι η αύξηση των ριζών να είναι ταχύτερη (Sousa et al., 2005; Altieri και Esposito, 2006).

Η σύγκριση των ποικιλιών ελιάς έδειξε ότι τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας επιτεύχθηκαν στην ποικιλία ‘Arbequina’ που έφθαναν μέχρι το ποσοστό 96%, με δεύτερη την ποικιλία ‘Μαστοειδής’ με ποσοστό ριζοβολίας 60% και τελευταία την ποικιλία ‘Καλαμών’ με πολύ μικρά έως μηδενικά ποσοστά ριζοβολίας (0-3%) (Πίνακες 3, 4 και 5). Οι διαφορές ως προς την ικανότητα ριζοβολίας μπορούν να αποδοθούν σε φυσιολογικές, ανατομικές και/ή γενετικές διαφορές μεταξύ των διαφόρων ποικιλιών (Fouad et al., 1990). Σύμφωνα με μελέτες η ριζοβολία των μοσχευμάτων εξαρτάται από την εποχή συλλογής των μοσχευμάτων, με την άνοιξη, νωρίς το καλοκαίρι και το φθινόπωρο (Απρίλιος-Οκτώβριος) να είναι οι πιο κατάλληλες εποχές για αυξημένα ποσοστά ριζοβολίας (Del Rio et al., 1991; Usta, 1999; Swamy et al., 2002). Στην παρούσα μελέτη, όσον αφορά την επίδραση της εποχής παρατηρούμε ότι οι ποικιλίες ‘Arbequina’ και ‘Μαστοειδής’ παρουσιάζουν τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας το φθινόπωρο (Πίνακες 3 και 4), ενώ η ποικιλία ‘Καλαμών’ με τα σχεδόν μηδενικά ποσοστά ριζοβολίας δεν είχε στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ των δύο εποχών (Πίνακας 5).

Σύμφωνα με τους Ahmed et al. (2002), η εποχική διακύμανση της θερμοκρασίας και της υγρασίας φαίνεται να παίζει καθοριστικό ρόλο για τη ριζοβολία των μοσχευμάτων. Στην παρούσα εργασία, την περίοδο του καλοκαιριού, παρατηρούνται και στις τρεις μελετώμενες ποικιλίες μεγαλύτερα ποσοστά σήψεων

στις βάσεις των μοσχευμάτων που συντελούν σε χαμηλότερα ποσοστά ριζοβολίας (Πίνακες 3, 4 και 5). Αυτό μπορεί να οφείλεται στο γεγονός ότι το καλοκαίρι επικρατούν εντός της μονάδας υδρονέφωσης υψηλότερες θερμοκρασίες σε σχέση με τις άλλες εποχές, οι οποίες κατά τη διάρκεια της ημέρας έφταναν μέχρι και τους 33 °C η θερμοκρασία του αέρα και 30 °C του υποστρώματος (βλέπε Παράρτημα Β). Αυτές οι υψηλές θερμοκρασίες μπορούν να προκαλέσουν απώλεια νερού από τα μοσχεύματα. Για να αποφευχθεί επομένως η υδατική καταπόνηση των μοσχευμάτων αυξάνεται η συχνότητα και η διάρκεια του ψεκασμού με νερό εντός της μονάδας, που ίσως τελικά να οδηγεί στο σάπισμα των μοσχευμάτων. Επίσης, η εποχική διακύμανση της ριζοβολίας μπορεί να συνδεθεί με τη φυσιολογική κατάσταση του μοσχεύματος κατά την περίοδο συλλογής του και συσχετίζεται άμεσα με την παρουσία και διακίνηση υψηλών συγκεντρώσεων ενδογενών αυξινών και άλλων συνεργιστικών ουσιών ριζοβολίας (Wiesman και Epstein, 1987; Fouad et al., 1990; Usta, 1999; Ahmed et al., 2002).

Σύμφωνα με τους Sebastiani και Tognetti (2004) οι ποικιλίες ελιάς ‘Frantoio’ και ‘Gentile di Larino’ ριζοβόλησαν σε ικανοποιητικά ποσοστά τους μήνες Οκτώβριο και Νοέμβριο, ενώ ο Mousa (2003) πέτυχε καλύτερη ριζοβολία σε μοσχεύματα των ποικιλιών ‘Nabali’ και ‘Improved Nabali’ το Δεκέμβριο. Αντιθέτως, οι Fouad et al. (1990) μελέτησαν οκτώ διαφορετικές ποικιλίες ελιάς ως προς τη ριζοβολία τους και κατέληξαν στο συμπέρασμα ότι η καλύτερη εποχή ήταν το καλοκαίρι και ειδικότερα ο μήνας Αύγουστος. Τέλος, οι Ahmed et al. (2002) παρατήρησαν ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Leccino’ ριζοβόλησαν σε υψηλότερο ποσοστό την περίοδο της ανοίξεως. Επομένως, παρατηρούμε ότι η εποχική διακύμανση της ριζοβολίας μπορεί να εξαρτάται και από την εκάστοτε χρησιμοποιούμενη ποικιλία.

Τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας για κάθε ποικιλία επιτεύχθηκαν με διαφορετική συγκέντρωση αυξίνης ή συνδυασμό των IBA και α-NAA. Η μεταχείριση με IBA προώθησε καλύτερα τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ και της ‘Καλαμών’, ενώ το α-NAA φαίνεται να έδρασε ευεργετικά για τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ‘Μαστοειδής’ (Πίνακες 3, 4 και 5). Αυξημένα ποσοστά ριζοβολίας σε μοσχεύματα ελιάς κατόπιν εξωγενούς εφαρμογής IBA και NAA σε διάφορες συγκεντρώσεις, καθώς και συνδυασμό των ορμονών αυτών με άλλες ουσίες έχουν βρεθεί και από άλλους ερευνητές (Hassan et al., 2008; Sebastiani και Tognetti, 2004; Negash, 2003; Christofori et al., 2010). Πιο αναλυτικά οι Sebastiani και Tognetti

(2004) παρατήρησαν ότι τα μοσχεύματα των ποικιλιών ‘Frantoio’ και ‘Gentile di Larino’ ριζοβόλησαν σε υψηλότερα ποσοστά όταν δέχτηκαν την εφαρμογή IBA 4000 mg L<sup>-1</sup> σε συνδυασμό με H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. Η δύσκολη στη ριζοβολία ποικιλία ‘Gordal’ ριζοβόλησε σε ποσοστό 20% μόνο με την εφαρμογή IBA 4000 mg L<sup>-1</sup> (Suarez et al., 1999). Αντιθέτως, ο συνδυασμός του IBA 4000 mg L<sup>-1</sup> με phloridzin και με phloroglucinol προώθησε τη ριζοβολία της ίδιας ποικιλίας σε ποσοστό 38%. Επίσης, οι Serrano et al. (2002) βρήκαν ότι η εφαρμογή NAA προώθησε σημαντικά τη ριζοβολία σε μοσχεύματα ελιάς ‘Galega’ σε αντίθεση με το IBA 5000 mg L<sup>-1</sup>. Σύμφωνα με τους Isfendiyaroglu και Ozeker (2008) το IBA σε συγκέντρωση 5000 mg L<sup>-1</sup> προώθησε καλύτερα τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της δύσκολης ποικιλίας ‘Domat’ σε σχέση με το NAA 3000 mg L<sup>-1</sup>. Αντιθέτως, τα μοσχεύματα της εύκολης ποικιλίας ‘Gemlik’ ριζοβόλησαν σε υψηλότερο ποσοστό όταν δέχτηκαν την εφαρμογή NAA 2000 mg L<sup>-1</sup> (Celik et al., 1993). Συνεπώς, παρατηρούμε ότι η ανταπόκριση των μοσχευμάτων ως προς τον τύπο της αυξίνης εξαρτάται εκτός των άλλων και από την ποικιλία (Swamy et al., 2002; Krisantini et al., 2006).

Για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου υποστρώματος, ορμονικής μεταχείρισης και εποχής παρατηρήθηκαν ιδιαίτερα υψηλά ποσοστά σήψεων που τις περισσότερες φορές αντιστοιχούσαν στο 100% των μοσχευμάτων (Πίνακας 5). Εξάιρεση αποτέλεσαν για το οργανικό υπόστρωμα, ορισμένες μεταχειρίσεις με τις οποίες επιτεύχθηκε ριζοβολία σε ποσοστό μόλις 2-3%, επιβεβαιώνοντας ότι η ποικιλία ‘Καλαμών’ ανήκει στις δύσκολες ριζοβολούντες ποικιλίες. Τα χαμηλά ποσοστά ριζοβολίας της παρούσας μελέτης συμφωνούν με τα αποτελέσματα των Wiesman και Lavee (1995a), οι οποίοι παρατήρησαν ότι με την εφαρμογή IBA σε χαμηλή συγκέντρωση τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ριζοβόλησαν σε ποσοστό 4% για την περίοδο του Αυγούστου. Η αδυναμία της ‘Καλαμών’ να ριζοβολήσει επιτυχώς πιθανόν να οφείλεται στην έλλειψη ευαισθησίας των ιστών της στην εξωγενώς εφαρμοζόμενη αυξίνη, όπως παρατηρείται και σε άλλα δύσκολα ως προς τη ριζοβολία φυτικά είδη (Hartmann et al., 2001; Ford et al., 2001).

Κατά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς κρίνεται σχεδόν απαραίτητη η παρουσία φύλλων στα μοσχεύματα (Leakey, 1985; Suarez et al., 1999; Garrido et al., 2002; Tchoundjeu et al., 2002; Voyiatzi et al., 2002). Ειδικότερα, για τα δύσκολα προς ριζοβολία φυτικά είδη η παρουσία μιας βέλτιστης φυλλικής επιφάνειας διαδραματίζει καθοριστικό ρόλο στη ριζοβολία (Leakey και Coutts, 1989). Στην

παρούσα εργασία, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε γρήγορη και έντονη πτώση των φύλλων των μοσχευμάτων ήδη από το πρώτο δεκαπενθήμερο της ριζοβολίας. Τη γρήγορη φυλλόπτωση της ποικιλίας αυτής ακολούθησε σήψη των περισσότερων μοσχευμάτων και τελικά αδυναμία ριζοβολίας. Παρόμοια αποτελέσματα βρήκαν οι Suarez et al. (1999) οι οποίοι κατέληξαν στο συμπέρασμα ότι η γρήγορη πτώση των φύλλων στη δύσκολη προς ριζοβολία ποικιλία ‘Gordal’ είναι υπεύθυνη για την αδυναμία ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας αυτής. Παρόμοια αποτελέσματα για την ποικιλία ‘Καλαμών’ αναφέρονται από τους Voyiatzi et al. (2002), ότι δηλαδή η πτώση των φύλλων των μοσχευμάτων είναι χαρακτηριστικό της ποικιλίας ‘Καλαμών’ το οποίο είναι γενετικά ελεγχόμενο και μειώνει την ικανότητα ριζοβολίας της.

Κατά τους Leakey και Coutts (1989) τα φύλλα εκτός από πηγή υδατανθράκων επηρεάζουν το υδατικό δυναμικό των μοσχευμάτων. Τα μοσχεύματα μετά την κοπή τους καταπονούνται και εμφανίζουν απώλειες στη σπαργή τους, γεγονός που οδηγεί στο κλείσιμο των στοματίων των φύλλων και επομένως στη μειωμένη φωτοσύνθεση και παραγωγή υδατανθράκων. Σε περίπτωση πτώσης των φύλλων προτεραιότητα των μοσχευμάτων είναι να σχηματίσουν νέους βλαστούς με νεαρά φύλλα ώστε να εξασφαλιστεί η φωτοσύνθεση (Suarez et al., 1999). Η διαδικασία αυτή είναι αρκετά ενεργοβόρα και ανταγωνίζεται τη διαδικασία σχηματισμού ριζών. Εν τούτοις, οι Wiesman και Lavee (1995β) ισχυρίζονται ότι οι αποθηκευμένοι υδατάνθρακες στα μοσχεύματα είναι αυτοί που επηρεάζουν τη ριζοβολία αφού η φωτοσυνθετική δραστηριότητα των μοσχευμάτων στη μονάδα της υδρονέφωσης είναι πολύ μικρή. Στο ίδιο συμπέρασμα καταλήγει και ο Couvillon (1988), σύμφωνα με τον οποίο η παρουσία των φύλλων είναι απαραίτητη για τη ριζοβολία των διαφόρων μοσχευμάτων καθώς διαδραματίζουν ρόλο άλλο από αυτό της παραγωγής υδατανθράκων μιας και εντός της μονάδας της υδρονέφωσης τα μοσχεύματα δεν συνθέτουν νέους υδατάνθρακες. Βέβαια, δεν θα πρέπει να παραβλεφθεί το γεγονός ότι ο σχηματισμός των ριζών είναι διαδικασία που απαιτεί υψηλές συγκεντρώσεις μεταβολιτών, επομένως η όποια φωτοσυνθετική δραστηριότητα των φύλλων, κυρίως στις δύσκολες προς ριζοβολία ποικιλίες, μπορεί να βοηθήσει μερικώς στον εφοδιασμό των αναπτυσσόμενων ιστών και να υποστηρίξει τη ριζοβολία του μοσχεύματος.

Τα φύλλα δύναται να παράγουν κάποιους συνεργιστές της ριζοβολίας που ενισχύουν το ρόλο τους στη διαδικασία της ριζογένεσης (Couvillon, 1988; Suarez et

al., 1999). Επίσης, τα φύλλα αποτελούν την κύρια πηγή για τον εφοδιασμό των μοσχευμάτων με θρεπτικά στοιχεία καθώς και για την παραγωγή της απαραίτητης αυξίνης για την επαγωγή της ριζοβολίας (Jarvis και Shaheed, 1986; Sagee et al. 1990). Τέλος, κατά τους ίδιους ερευνητές ο κύριος ρόλος των φύλλων στη ριζοβολία φαίνεται να είναι η πρόσληψη της παραγόμενης στο κορυφαίο μερίστωμα αυξίνης δια μέσου του ρεύματος της διαπνοής και η ανακατανομή της για την αναγέννηση του ριζικού συστήματος των μοσχευμάτων.



## 5. Συμπεράσματα

Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι όλα τα μοσχεύματα ανεξαρτήτου ποικιλίας ριζοβόλησαν καλύτερα στο οργανικό υπόστρωμα, έναντι του υποστρώματος τύρφης-περλίτη. Μεταξύ των ποικιλιών ελιάς που δοκιμάστηκαν η ‘Arbequina’ έδωσε τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας με δεύτερη τη ‘Μαστοειδής’ και τελευταία την ‘Καλαμών’ με σχεδόν μηδενική ριζοβολία. Οι ποικιλίες ‘Arbequina’ και ‘Μαστοειδής’ ριζοβόλησαν καλύτερα το φθινόπωρο. Τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας για κάθε ποικιλία επιτεύχθηκαν με διαφορετική συγκέντρωση αυξίνης ή συνδυασμό των IBA και  $\alpha$ -NAA, με το IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> να προωθεί καλύτερα τη ριζοβολία στις ποικιλίες ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’, ενώ για την ποικιλία ‘Μαστοειδής’ καλύτερη είναι η εφαρμογή του  $\alpha$ -NAA σε συγκέντρωση 1000 mg L<sup>-1</sup>. Όσον αφορά τη δυσκολία που εμφανίζει η ποικιλία ‘Καλαμών’ στο να ριζοβολήσει επιτυχώς πιθανόν να οφείλεται στην έλλειψη ή μειωμένη ευαισθησία των ιστών της στην εξωγενώς εφαρμοζόμενη αυξίνη χωρίς όμως να αποκλείονται και άλλοι παράγοντες. Επίσης, η γρήγορη πτώση των φύλλων των μοσχευμάτων εντός της μονάδας της υδρονέφωσης οδήγησε σε σάπισμα των μοσχευμάτων και συνεπώς σε αποτυχία της ριζοβολίας.

Επομένως, σύμφωνα με τα παραπάνω συμπεραίνεται ότι η ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς επηρεάζεται από το υπόστρωμα, την εποχή, την εφαρμοζόμενη ορμόνη, τη συγκέντρωση της εφαρμοζόμενης ορμόνης, τη χρησιμοποιούμενη ποικιλία καθώς και από την πτώση των φύλλων. Τέλος, πρέπει να τονιστεί ότι πιθανόν να υπάρχει και αλληλεπίδραση μεταξύ όλων των παραπάνω παραγόντων.

## 6. Βιβλιογραφία

- Altieri, R., Esposito, A., 2006. Use of olive mill by-products as peat substitute in the preparation of nursery growth media. *Olivebioteq*, volume I, 437-440.
- Aminah, H., 2003. Vegetative propagation of *Endospermum malaccense* by leaf stem cuttings: effects of indole butyric acid (IBA) concentrations and propagation systems (mist and non-mist). *Journal of Tropical Forest Science* 15, 249-258.
- Ahmed, M., Laghari, M.H., Ahmed, I., Khokhar, K.M., 2002. Seasonal variation in rooting of leafy olive cuttings. *Asian Journal of Plant Sciences* 1(3), 228-229.
- Aroglu, M.I., Ozeker, E., 2008. Rooting of *Olea europaea* ‘Domat’ cuttings by auxin and salicylic acid treatments. *Pakistan Journal of Botany* 40(3), 1135-1141.
- Bartel, B., LeClere, S., Magidin, M., Zolman, B.K., 2001. Inputs to the active indole-3-acetic acid pool: *De novo* synthesis, conjugate hydrolysis, and indole-3-butyric acid b-oxidation. *Journal of Plant Growth Regulation* 20, 198-216
- Briccoli-Batti, C., Lombardo, N., 1988. Effects of cold storage on rooting olive cuttings. *Acta Horticulturae* 227, 254-256.
- Celik, M., Ozkaya, M.T., Dumanoglu, H., 1993. The research on possibilities of using the shaded polyethylene tunnels (SPT) for the rooting of olive (*Olea europaea* L.). *Acta Horticulturae* 356, 21-23.
- Chin, T.Y., Meyer, M.M., Beevers, L., 1969. Abscisic acid stimulated rooting of stem cuttings. *Planta* 88, 192-196.
- Copes, P.L., Mandel, N.L., 2000. Effect of IBA and NAA treatments on rooting douglas-fir stem cuttings. *New Forests* 20(3), 249-257.
- Couvillon, G.A., 1988. Rooting responses to different treatments. *Acta Horticulturae* 227, 187-196.
- Cristofori, V., Roupheal, Y., Rugini, E., 2010. Collection time, cutting age, IBA and Putrescine effects on root formation in *Corylus avellana* L. cuttings. *Scientia Horticulturae* 124, 189-194.
- Cutting, J.G.M., van Vuuren, S.P., 1988. Rooting leafy non-etiolated avocado cuttings from gibberellin-injected trees. *Scientia Horticulturae* 37, 171-176.
- De Klerk, G.J., Van Der Krieken, W., De Jong, J., 1999. The formation of adventitious roots: new concepts, new possibilities. *In vitro Cellular and Developmental Biology* 35, 189-199.

- Del Rio, C., Rallo, L., Caballero, J.M., 1991. Effects of carbohydrate content on the seasonal rooting of vegetative and reproductive cuttings of olive. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology* 66, 301-309.
- Fabbri, A., Bartolini, G., Lambardi, M., Kailis, S.G., 2004. Olive propagation manual. Landlinks Press, Australia.
- Fontanazza, G., 1993. Olivicoltura intensiva meccanizzata. Edagricole Ed., Bologna, Italy, pp. 103.
- Ford, Y.Y., Bonham, E.C., Cameron, R.W.F., Blake, P.S., Judd, H.L., Harrison-Murray, R.S., 2001. Adventitious rooting: examining the role of auxin in an easy- and a difficult-to-root plant. *Journal of Plant Growth Regulation* 36(2), 149-159.
- Ford, Y.Y., Taylor, J.M., Blake, P.S., Marks, T.R., 2002. Gibberellin A3 stimulates adventitious rooting of cuttings from cherry (*Prunus avium*). *Journal of Plant Growth Regulation* 37, 127-133.
- Fouad, M.M., Fayek, M.A., Selim, H.H., El-Sayed, M.E., 1990. Rooting of eight olive cultivars under mist. *Olive growing, Acta Horticulturae* 286, 57-60.
- Garrido, G., Guerrero, J.R., Cano, E.A., Acosta, M., Sanchez-Bravo, J., 2002. Origin and basipetal transport of the IAA responsible for rooting of carnation cuttings. *Physiologia Plantarum* 114, 303-312.
- Gaspar, T., Kevers, C., Penel, C., Greppin, H., Reid, D.M., Thorpe, T.A., 1996. Plant hormones and plant growth regulators in plant tissue culture. Review. *In Vitro Cellular and Developmental Biology* 32, 272-289.
- Hartmann, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T., 2001. *Plant propagation principles and practices*. 5<sup>th</sup> Edition, Prentice-Hall, New Jersey.
- Hassan, I., Ahmad, T., Hafiz, I.A., Abbasi, N.A., Rashid, B., 2008. Effect of various auxin treatments (indole butyric acid and naphthalene acetic acid) on root initiation of olive cultivars, 'Coratina' and 'Carolea'. *Asian Journal of Chemistry* 20(8), 6509-6517.
- Husen, A., 2012. Changes of soluble sugars and enzymatic activities during adventitious rooting in cuttings of *Grewia optiva* as affected by age of donor plants and auxin treatments. *American Journal of Plant Physiology* 7(1), 1-16.
- Isfendiyaroglu, M., Ozeker, E., 2008. Rooting of *Olea europaea* 'Domat' cuttings by auxin and salicylic acid treatments. *Pakistan Journal of Botany* 40(3), 1135-1141.

- Jarvis, B.C., Shaheed, A.I., 1986. Adventitious root formation in relation to the uptake and distribution of supplied auxin. *New Phytology* 103, 23-31.
- Jasik, J., De Klerk, G.J., 1997. Anatomical and ultrastructural examination of adventitious root formation in stem slices of apple. *Biologia Plantarum* 39(1), 79-90.
- Keeley, K., Preece, J.E., Taylor, B.H., 2003. Increased rooting of 'Norton' grape cuttings using auxins and gibberellin biosynthesis inhibitors. *Hortscience* 38, 281-283.
- Kelen, M., Ozkan, G., 2003. Relationships between rooting ability and changes of endogenous IAA and ABA during the rooting of hardwood cuttings of some grapevine rootstocks. *European Journal of Horticultural Science* 68, 8-13.
- Krisantini, S., Johnston, M., Williams, R.R., Beveridge, C., 2006. Adventitious root formation in *Grevillea* (Proteaceae), an Australian native species. *Scientia Horticulturae* 107, 171-175.
- Leakey, R.R.B., 1985. The capacity for vegetative propagation in trees, in: Cannell, M.G.R., Jackson, J.E. (Eds.), *Attributes of trees as crop plants*. Abbotts Ripton, Institute of Terrestrial Ecology, pp. 110-133.
- Leakey, R.R.B., Coutts, M.P., 1989. The dynamics of rooting in *Triplochiton scleroxylon* cuttings: their relation to leaf area, node position, dry weight accumulation, leaf water potential and carbohydrate composition. *Tree Physiology* 5, 135-146.
- Li, S.W., Xue, L., Xu, S., Feng, H., An, L., 2009. Mediators, genes and signaling in adventitious rooting. *Botanical Review* 75, 230-247.
- Mancuso, S., 1998. Seasonal dynamics of electrical impedance parameters in shoots and leaves relate to rooting ability of olive (*Olea europaea*) cuttings. *Tree Physiology* 19, 95-101.
- Mousa, A.K., 2003. Rooting response of 'Nabali' and 'Improved Nabali' olive cuttings to indole butyric acid concentration and collection season. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 6(24), 2040-2043.
- Negash, L., 2003. Vegetative propagation of the threatened African wild olive [*Olea europaea* L. subsp. *Cuspidata* (Wall. Ex DC.) Ciffieri]. *New Forests* 26, 137-146.

- Ozkaya, M.T., Celik, M., 1999. The effects of various treatments on endogenous carbohydrate content of cuttings in easy to root and hard to root olive cultivars. *Acta Horticulturae* 474, 51-53.
- Porlingis, I.C., Therios, I., 1976. Rooting response of juvenile and adult leafy olive cuttings to various factors. *Journal of Horticultural Science* 51, 31-39.
- Rugini, E., 1986. Olive (*Olea europaea* L.), in: Bajaj, Y.P.S. (Ed.), *Biotechnology in Agriculture and Forestry. Vol I: Trees 1*, Springer-Verlag Berlin, pp. 253-267.
- Sagee, O., Shaked, A., Hasdai, D., 1990. Rooting of cuttings from gibberellin and benzyladeninetreated citrus trees. *Journal of Horticultural Science* 65, 473-478.
- Sagee, O., Raviv, M., Medina, Sh., Becker, D., Cosse, A., 1992. Involvement of rooting factors and free IAA in the rootability of citrus species stem cuttings. *Scientia Horticulturae* 51, 187-195.
- Sebastiani, L., Tognetti, R., 2004. Growing season and hydrogen peroxide effects on root induction and development *Olea europaea* L. (cvs 'Frantoio' and 'Gentile di Larino') cuttings. 100, 75-82.
- Serrano, F.J.M., Serrano, M.C., Amaral, E., 2002. Effect of different hormone treatment on rooting of *Olea europaea* cv. Galega vulgar cuttings. Proc 4<sup>th</sup> IS on Olive Growing, *Acta Horticulturae* 586, 875-877.
- Sousa, P.B.L., Ayala-Osuna, J.T., Gomes, G.E., 2005. Vegetative propagation of *Ocimum gratissimum* L. in different substrate. [Propagação vegetativa de *Ocimum gratissimum* L. em diferentes substratos]. *Revista Brasileira de Plantas Mediciniais* 8(1), 39-44.
- Shiembo, P.N., Newton, A.C., Leakey, R.R.B., 1996. Vegetative propagation of *Irvingia gabonensis*, a West African fruit tree. *Forest Ecology and Management* 87(1-3), 185-192.
- Stefancic, M., Stampar, F., Osterc, G., 2005. Influence of IAA and IBA on root development and quality of *Prunus* Gisela 5' leafy cuttings. *HortScience* 40(7), 2052-2055.
- Suarez, M.P., Lopez-Rivares, E.P., Lavee, S., Troncoso, A., 1999. Rooting capability of olive cuttings, cv. Gordal: influence of the presence of leaves and buds. Proc. 3<sup>rd</sup> Int. ISHS Symp. on Olive Growing, *Acta Horticulturae* 474, 39-42.

- Swamy, S.L., Puri, S., Singh, A.K., 2002. Effect of auxins (IBA and NAA) and season on rooting of juvenile and mature hardwood cuttings of *Robinia pseudoacacia* and *Grewia optiva*. *New Forests* 23, 143-157.
- Tchoundjeu, Z., Avana, M.L., Leakey, R.R.B., Simons, A.J., Assah, E., Duguma, B., Bell, J.M., 2002. Vegetative propagation of *Prunus africana*: effects of rooting medium, auxin concentrations and leaf area. *Agroforestry Systems* 54, 183-192.
- Usta, S.S., 1999. The research on rooting ability of olive cuttings (*Olea europaea* L. cv. Domat). Proc. 3<sup>rd</sup> Int. ISHS Symp. on Olive Growing, *Acta Horticulturae* 474, 63-66.
- Van der Krieken, W.M., Kodde, J., Visser, M.H.M, Tsardakas, D., Blaakmeer, A., de Groot, K., Leegstra, L., 1997. Increased induction of adventitious rooting by slow release auxins and elicitors, in: Altman A., Waisel, Y. (Eds.), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 95-104.
- Voyatzi, C., Petridou, M., Pritsa, T., Sotiriou, M., Voyatzis, D., 2002. Rooting capacity of cuttings as a criterion for the evaluation of the progeny of five olive cultivars. Proc. 4<sup>th</sup> IS on Olive Growing, *Acta Horticulturae* 586, 927-930.
- Woodward, A.W., Bartel, B., 2005. Auxin: regulation, action and interaction. *Annals of Botany* 95, 707-735.
- Wiesman, Z., Epstein, E., 1987. Metabolism and transport of 5-H-Indole-3-butyric acid in cuttings of olive. *Olea* 18, 29-33.
- Wiesman, Z., Lavee, S., 1994. Vegetative growth retardation, improved rooting and viability of olive cuttings in response to application of growth retardants. *Journal of Plant Growth Regulation* 14, 83-90.
- Wiesman, Z., Lavee, S., 1995(α). Enhancement of IBA stimulatory effect on rooting of olive cultivar stem cuttings. *Scientia Horticulturae* 62, 189-198.
- Wiesman Z., Lavee, S., 1995(β). Relationship of carbohydrate sources and indole-3-butyric acid in olive cuttings. *Australian Journal of Plant Physiology* 22, 811-816.



## **Μέρος Δεύτερο**

**Διερεύνηση του ρόλου των βιοχημικών  
παραγόντων στη ριζοβολία των  
φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς**





# 1

## Ο ρόλος των υδατανθράκων στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς

### Περίληψη

Στο παρόν κεφάλαιο μελετήθηκε η επίδραση του IBA, της ποικιλίας και της συγκέντρωσης των ενδογενών υδατανθράκων στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς σε τρεις περιόδους (καλοκαίρι, φθινόπωρο και άνοιξη). Χρησιμοποιήθηκαν δύο ποικιλίες ελιάς με διαφορετική ικανότητα ως προς τη ριζοβολία, η ποικιλία 'Arbequina' που είναι εύκολη στη ριζοβολία και η ποικιλία 'Καλαμών' που ριζοβολεί δύσκολα. Τα μοσχεύματα και των δύο ποικιλιών είχαν μήκος περίπου 7 cm, διάμετρο 5 mm και έφεραν 4 φύλλα. Πριν τη φύτευση εμβαπτίστηκε η βάση των μοσχευμάτων για 5 sec σε ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> διαλυμένο σε 45% v/v αιθανόλη/απεσταγμένο νερό. Στο τέλος της περιόδου ριζοβολίας μετρήθηκε το ποσοστό των μοσχευμάτων που ριζοβόλησαν. Επίσης, έγινε δειγματοληψία των μοσχευμάτων στην αρχή και στην πορεία των πρώτων δεκαπέντε ημερών της ριζοβολίας για να μελετηθούν οι μεταβολές στις συγκεντρώσεις των ενδογενών υδατανθράκων.

Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι η εξωγενής εφαρμογή του IBA προώθησε τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina'. Αντίθετα, στην ποικιλία 'Καλαμών' δεν είχε καμία επίδραση και τα ποσοστά ριζοβολίας ήταν πάρα πολύ χαμηλά (1-3%). Η ποικιλία 'Arbequina' ριζοβόλησε σε υψηλό ποσοστό (76%) το καλοκαίρι, ενώ την άνοιξη παρατηρήθηκαν τα χαμηλότερα ποσοστά ριζοβολίας (37%). Τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερες αρχικές συγκεντρώσεις μεμονωμένων και ολικών σακχάρων. Εξαιρέση αποτελούν οι συγκεντρώσεις της φρουκτόζης και του αμύλου που ήταν για όλες τις πειραματικές περιόδους στατιστικά σημαντικά μεγαλύτερες στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών'. Μεταξύ των σακχάρων που βρέθηκαν στα μοσχεύματα και στις δύο ποικιλίες κυρίαρχη ήταν η μαννιτόλη, ακολουθούμενη από τη σακχαρόζη και τη

γλυκόζη. Επίσης, τα μοσχεύματα και των δύο ποικιλιών παρουσίασαν αυξημένη συγκέντρωση σακχάρων το καλοκαίρι, ενώ η υψηλότερη συγκέντρωση αμύλου παρατηρήθηκε την περίοδο της ανοίξεως. Συμπεραίνεται ότι η εποχική διακύμανση του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’, θα μπορούσε ίσως να συνδεθεί με τις ταυτόχρονες αλλαγές που παρατηρήθηκαν στις συγκεντρώσεις των υδατανθράκων στις βάσεις των μοσχευμάτων αυτής της ποικιλίας.

## 1. Εισαγωγή

Από τα αποτελέσματα του πρώτου πειράματος (Μέρος Πρώτο) προέκυψε ότι η ποικιλία ‘Καλαμών’ παρουσίασε πολύ χαμηλά ποσοστά ριζοβολίας (2-3%) με όλες τις ορμόνες και τις διάφορες συγκεντρώσεις που χρησιμοποιήθηκαν. Αντίθετα η ποικιλία ‘Arbequina’ είχε πολύ υψηλά ποσοστά ριζοβολίας (76-96%), ενώ η τρίτη ποικιλία ‘Μαστοειδής’ είχε ενδιάμεσα ποσοστά ριζοβολίας (32-60%). Αυτό δείχνει αφενός τις μεγάλες διαφορές μεταξύ των ποικιλιών ελιάς στην ικανότητα ριζοβολίας και από την άλλη ότι η αυξίνη από μόνη της δεν μπορεί να υποκινήσει το σχηματισμό ριζικών καταβολών στην ποικιλία ‘Καλαμών’. Επειδή ένας από τους σκοπούς της εργασίας αυτής είναι η διερεύνηση των παραγόντων στους οποίους πιθανόν οφείλεται η αδυναμία της ριζοβολίας στην ποικιλία ‘Καλαμών’ η μελέτη δύο ποικιλιών μιας που ριζοβολεί εύκολα ‘Arbequina’ και μιας που ριζοβολεί δύσκολα ‘Καλαμών’ θα μπορούσε να δώσει τις καλύτερες πληροφορίες για το ρόλο των βιοχημικών παραγόντων στη δυνατότητα ριζοβολίας η μη των φυλλοφόρων μοσχευμάτων της ελιάς.

Όπως αναπτύχθηκε και στο Μέρος Πρώτο είναι σήμερα αποδεκτό ότι από τις διάφορες φυτορρυθμιστικές ουσίες πρωτεύοντα ρόλο στη ριζοβολία των μοσχευμάτων κατέχουν οι αυξίνες (Negash, 2003). Τόσο το επίπεδο των ενδογενών αυξινών, όσο και η εξωγενώς εφαρμοζόμενη αυξίνη επηρεάζουν το ποσοστό ριζοβολίας των μοσχευμάτων. Ωστόσο υπάρχουν κι άλλες βοηθητικές ενώσεις, όπως οι υδατάνθρακες, οι πολυαμίνες και οι φαινολικές ενώσεις, οι οποίες μπορούν να δράσουν επικουρικά ή συνεργιστικά αυξάνοντας τα ποσοστά ριζοβολίας με την επίδρασή τους στις διάφορες μεταβολικές διεργασίες της ριζογένεσης άμεσα ή έμμεσα (Hartmann et al., 2001).

Δεδομένου ότι η ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς είναι μια ιδιαίτερα μακρόχρονη διαδικασία (2-4 μήνες) που απαιτεί ενέργεια, είναι ιδιαίτερα σημαντικός ο συνεχής εφοδιασμός των μοσχευμάτων με ικανοποιητική ποσότητα ενέργειας (Avidan και Lavee, 1978; Wiesman και Lavee, 1995; Fabbri et al., 2004). Οι υδατάνθρακες ως άμεσα προϊόντα της φωτοσυνθετικής δραστηριότητας παίζουν σημαντικό ρόλο στη ριζοβολία, καθώς χρησιμοποιούνται ως δομικά υλικά των κυττάρων - σκελετοί άνθρακα (Yoo και Kim, 1996), αλλά και για την παραγωγή της απαραίτητης ενέργειας για την έναρξη της διαφοροποίησης των ριζικών καταβολών (Wiesman και Lavee, 1995; Sivaci, 2006; Aslmoshtaghi και Shahsavari, 2010).

Ωστόσο, δεν θα πρέπει να παραβλέψουμε την πιθανότητα οι υδατάνθρακες να προωθούν τη ριζοβολία με τρόπο που δεν σχετίζεται με το ρόλο τους ως πηγή ενέργειας, υπόθεση η οποία χρήζει περαιτέρω διερεύνησης (Haissig, 1989).

Η σχέση μεταξύ υδατανθράκων και ριζοβολίας των μοσχευμάτων παραμένει αμφιλεγόμενη εδώ και 70 περίπου χρόνια. Μερικές από τις πρώτες εργασίες που ασχολούνται με την επίδραση των υδατανθράκων στη ριζοβολία των μοσχευμάτων οδήγησαν στη διατύπωση της υπόθεσης ότι η υψηλή αναλογία C/N στα μοσχεύματα συμβάλλει στο σχηματισμό τυχαίων ριζών, ενώ η χαμηλή σχέση C/N μειώνει την ικανότητα για ριζοβολία (Veierskov, 1989). Η υπόθεση αυτή έγινε ευρέως αποδεκτή με συνέπεια τη συχνή συσχέτιση της ικανότητας ριζοβολίας των μοσχευμάτων με την περιεκτικότητά τους σε υδατάνθρακες.

Στη συνέχεια όμως, όπως προκύπτει από την ανασκόπηση της βιβλιογραφίας, έγιναν διάφορες προσεγγίσεις με στόχο να μελετηθεί εκτενέστερα ο ρόλος των υδατανθράκων στη ριζογένεση όπως:

- Αλλαγές στο περιβάλλον των μητρικών φυτών με στόχο την αλλαγή στο επίπεδο των υδατανθράκων.
- Προσδιορισμός των ενδογενών επιπέδων των υδατανθράκων και συσχέτισή τους με τα ποσοστά ριζοβολίας.
- Εξωγενής εφαρμογή υδατανθράκων στα μητρικά φυτά ή στα μοσχεύματα.
- Μελέτη των υδατανθράκων σε ποικιλίες που παρουσιάζουν μεγάλες διαφορές στα ποσοστά ριζοβολίας των μοσχευμάτων τους.

Όσον αφορά το επίπεδο των υδατανθράκων του μητρικού φυτού έχει βρεθεί από αρκετούς ερευνητές ότι μπορεί να επηρεάσει τη ριζοβολία των μοσχευμάτων (Couvillon, 1988; Wiesman και Lavee, 1995; Hartmann et al., 2001). Ωστόσο, το υψηλό επίπεδο υδατανθράκων δε συνδέεται πάντοτε και με υψηλά ποσοστά ριζοβολίας (Couvillon, 1988; Tsipouridis et al., 2006). Επομένως η αύξηση του επιπέδου των υδατανθράκων των μητρικών φυτών δε θα οδηγεί απαραίτητως και σε αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας. Επιπλέον, δεν έχει ακόμα καθοριστεί ένα βέλτιστο επίπεδο υδατανθράκων που να δίνει το καλύτερο ποσοστό ριζοβολίας των μοσχευμάτων για κάθε είδος φυτού. Αυτό συμβαίνει γιατί είναι πολύ δύσκολο να αλλάξουμε το επίπεδο των ενδογενών υδατανθράκων χωρίς να επηρεάσουμε τις άλλες φυσιολογικές διαδικασίες και το επίπεδο άλλων ουσιών που πιθανόν παίζουν σημαντικό ρόλο στη ριζογένεση (Veierskov, 1989).

Πολλές μελέτες έχουν δείξει την ύπαρξη θετικής συσχέτισης μεταξύ της ριζοβολίας των μοσχευμάτων και της περιεκτικότητάς τους σε υδατάνθρακες (Yoo και Kim, 1996; Aslmoshtaghi και Shahsavari, 2010), ενώ κάποιοι άλλοι ερευνητές δεν επιβεβαίωσαν μια τέτοια συσχέτιση (Reuveni και Raviv, 1980; Tsipouridis et al., 2006). Επομένως, ο ρόλος των υδατανθράκων στο τυχαίο σχηματισμό των ριζών στα μοσχεύματα βλαστών παραμένει ακόμα αμφιλεγόμενος (Ragonezi et al., 2010). Οι del Rio et al. (1991) διαπίστωσαν ότι οι εποχικές μεταβολές στην περιεκτικότητα των υδατανθράκων στους βλαστούς θα μπορούσαν μερικώς να εξηγήσουν τις εποχικές αλλαγές που παρατηρούνται στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς. Έχει επίσης αποδειχθεί ότι η περιεκτικότητα σε υδατάνθρακες είναι υψηλότερη στις εύκολες προς ριζοβολία ποικιλίες ελιάς (Couvillon, 1988; Yoo και Kim, 1996).

Για την καλύτερη κατανόηση του ρόλου των υδατανθράκων στη ριζοβολία θα πρέπει να μελετηθούν οι μεταβολές στη συγκέντρωσή τους στα διάφορα στάδια της ριζοβολίας. Από προηγούμενες μελέτες, προκύπτει ότι κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας παρατηρείται μείωση στη συγκέντρωση των υδατανθράκων στα μοσχεύματα. Αυτή η μείωση θα μπορούσε να αποδοθεί είτε στη χρησιμοποίηση αυτών για την υποστήριξη των διαφόρων λειτουργιών που απαιτούν ενέργεια (Husen και Pal, 2007) ή στο κλείσιμο των στοματίων ώστε να περιοριστούν οι απώλειες σε νερό των φύλλων που με τη σειρά τους προκαλούν μείωση της διαθεσιμότητας του CO<sub>2</sub> και άρα μείωση της φωτοσύνθεσης και των υδατανθράκων (Leakey και Coutts, 1989). Ωστόσο, μετά την εμφάνιση των ριζών στα φυλλοφόρα μοσχεύματα, υπό συνθήκες φωτός, παρατηρείται αύξηση της συγκέντρωσης των υδατανθράκων (Agulló-Antón et al., 2011). Αυξημένη επίσης συγκέντρωση υδατανθράκων παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα που δέχτηκαν την εφαρμογή αυξίνης ή αυξημένη θερμοκρασία ριζοβολίας (15-25 °C) (Altman και Wareing, 1975; Couvillon, 1988).

Ένας ακόμη ρόλος των υδατανθράκων είναι ότι επηρεάζουν το μεταβολισμό της αυξίνης προωθώντας τη διεγερτική επίδραση που ασκεί το IBA στη ριζογένεση (Wiesman και Lavee, 1995). Επίσης, τα σάκχαρα πιθανόν να επιδρούν στη ριζοβολία κατά το στάδιο της αποδιαφοροποίησης των κυττάρων και της έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων καθώς έχει βρεθεί ότι τα αναγωγικά σάκχαρα, όπως η γλυκόζη και η 6-φωσφορο-γλυκόζη, συσσωρεύονται στη βάση των μοσχευμάτων αρκετές ημέρες μετά την κοπή τους από το μητρικό φυτό και μπορούν να αντιδράσουν μη ενζυμικά με πρωτεΐνες αλλά και να πάρουν μέρος στη μεταγραφή

του DNA (Veierskov, 1989). Τέλος, επειδή τα φωσφοριλιωμένα σάκχαρα σχηματίζουν γλυκοζιδικούς δεσμούς με τις πρωτεΐνες και τα νουκλεϊκά οξέα είναι πιθανό να επιδρούν θετικά κυρίως κατά το στάδιο έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων (Veierskov, 1989).

Από την ανασκόπηση της βιβλιογραφίας προκύπτει ότι ο ρόλος των υδατανθράκων στη ριζοβολία των μοσχευμάτων δεν έχει πλήρως διευκρινιστεί. Πολλοί παράγοντες όπως η εποχή λήψης των μοσχευμάτων, το είδος και η ποικιλία, η συγκέντρωση των ενδογενών και εξωγενώς εφαρμοζομένων υδατανθράκων κ.ά. μπορεί να επηρεάζουν τη δράση τους. Επομένως, κρίνεται αναγκαία η διερεύνηση του ρόλου των υδατανθράκων κατά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς με στόχο την αποσαφήνιση του ρόλου τους και ειδικά των δύσκολα ριζοβολούντων ποικιλιών όπως είναι η 'Καλαμών'. Πιο αναλυτικά στόχος της εργασίας στο παρόν κεφάλαιο ήταν η μελέτη: α) της επίδρασης των υδατανθράκων και των μεταβολών στις συγκεντρώσεις αυτών στα πρώτα στάδια της ριζογένεσης, στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ελιάς, β) της επίδρασης της εποχής λήψης των μοσχευμάτων στη συγκέντρωση των υδατανθράκων και στη ριζοβολία και γ) η διερεύνηση της ύπαρξης τυχόν συσχέτισης μεταξύ των μετρούμενων υδατανθράκων και του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς.

## 2. Υλικά και Μέθοδοι

### 2.1 Φυτικό υλικό - Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων

Τα πειράματα διεξήχθησαν στη μονάδα υδρονέφωσης που διαθέτουν τα φυτώρια Κωστελένου στον Πόρο Τροιζηνίας και στο εργαστήριο Δενδροκομίας του Γεωπονικού Πανεπιστημίου Αθηνών. Χρησιμοποιήθηκαν δύο ποικιλίες ελιάς με διαφορετική ικανότητα ως προς τη ριζοβολία η ποικιλία ‘Arbequina’ που είναι εύκολη στη ριζοβολία και η ποικιλία ‘Καλαμών’ που ριζοβολεί δύσκολα.

Τα πειράματα ριζοβολίας πραγματοποιήθηκαν σε τρεις περιόδους το καλοκαίρι (Ιούλιος-Οκτώβριος 2009), το φθινόπωρο (Νοέμβριος-Φεβρουάριος 2009) και την άνοιξη (Απρίλιος-Ιούλιος 2010). Το πρώτο πείραμα έλαβε χώρα τον Ιούλιο του 2009. Τα μοσχεύματα προέρχονταν από ημιξυλοποιημένη νέα βλάστηση και ελήφθησαν από μητρικά φυτά ηλικίας 15 ετών, τα οποία δέχονταν όλες τις απαραίτητες καλλιεργητικές φροντίδες (πότισμα, λίπανση, φυτοπροστασία), ώστε να εξασφαλιστεί υγιής και εύρωστη νέα βλάστηση, που θα αποτελέσει την πηγή των μοσχευμάτων. Οι διαστάσεις των μοσχευμάτων ήταν τυποποιημένες προς αποφυγή παραλλακτικότητας, με μήκος περίπου 7 cm και διάμετρο μικρότερη από 5 mm. Τα μοσχεύματα και των δύο ποικιλιών έφεραν 4 φύλλα.

Τα μοσχεύματα πριν φυτευτούν εμβαπτίστηκαν ολόκληρα μέσα σε μυκητοκτόνο διάλυμα (Captan 83% WP/1,5 g L<sup>-1</sup>), αφέθηκαν να στεγνώσουν για λίγα λεπτά και στη συνέχεια εμβαπτίστηκε η βάση τους για 5 sec σε ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> διαλυμένο σε 45% v/v αιθανόλη/απεσταγμένο νερό. Τα μοσχεύματα που χρησιμοποιήθηκαν ως μάρτυρας εμβαπτίστηκαν για 5 sec σε διάλυμα 45% v/v αιθανόλης/απεσταγμένου νερού. Για τη φύτευση των μοσχευμάτων χρησιμοποιήθηκαν θήκες (jiffy pots) με οργανικό υπόστρωμα με βάση την τύρφη (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands), όπου κάθε μία θήκη περιελάμβανε 240 θέσεις μοσχευμάτων (Εικόνα 8). Μετά τη φύτευση τα μοσχεύματα τοποθετήθηκαν πάνω σε τσιμεντένιο παρτέρι (ριζωτήριο) που βρισκόταν σε θερμοκήπιο με σύστημα υδρονέφωσης. Η διάρκεια ψεκασμού εντός της μονάδας υδρονέφωσης ήταν 20 sec κάθε 6 min. Καθ’όλη τη διάρκεια της διεξαγωγής του πειράματος, γινόταν λεπτομερής καταγραφή της θερμοκρασίας της ατμόσφαιρας και του υποστρώματος με τη χρήση ειδικού αισθητήρα (WatchDog Model 125, Spectrum Technologies), ο οποίος είχε εγκατασταθεί εντός της μονάδας υδρονέφωσης. Η μέση



θερμοκρασία του αέρα και του υποστρώματος ήταν 25 °C και 23,5 °C, αντίστοιχα (βλέπε παράρτημα Β).

Το πείραμα επαναλήφθηκε το φθινόπωρο (Νοέμβριος) του 2009 και την άνοιξη (Απρίλιος) του 2010. Τα μοσχεύματα ελήφθησαν και πολλαπλασιάστηκαν με την ίδια μέθοδο όπως περιγράφεται παραπάνω για την περίοδο του καλοκαιριού. Η μέση θερμοκρασία του αέρα και του υποστρώματος ήταν 15 °C και 14 °C, αντίστοιχα, για την περίοδο του Νοεμβρίου-Φεβρουαρίου και 21,3 °C και 20,5 °C αντίστοιχα για περίοδο Απριλίου-Ιουλίου (βλέπε παράρτημα Β). Και στις δύο εποχές τα μοσχεύματα ψεκάζονταν για 20 sec κάθε 12 min.



**Εικόνα 8.** Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά) φυτεμένα σε οργανικό υπόστρωμα (jiffy pots) με βάση την τύρφη (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands).

## 2.2 Πειραματικό σχέδιο

Το πειραματικό σχέδιο που ακολουθήθηκε κατά το σχεδιασμό και την εκτέλεση του πειράματος ήταν το πλήρως τυχαιοποιημένο σχέδιο. Στο πείραμα είχαμε 2 επεμβάσεις, όπου για κάθε επέμβαση πραγματοποιήθηκαν 4 επαναλήψεις με 4 θήκες των 240 θέσεων, δηλαδή 960 μοσχεύματα ανά επανάληψη – 3.840 ανά επέμβαση – 7.680 μοσχεύματα ανά ποικιλία. Ο συνολικός αριθμός μοσχευμάτων που χρησιμοποιήθηκαν ήταν 46.080: 3 εποχές x 2 επεμβάσεις x 4 επαναλήψεις x 960 μοσχεύματα ανά επανάληψη x 2 ποικιλίες.

## 2.3 Μετρήσεις που πραγματοποιήθηκαν

Στο τέλος της περιόδου ριζοβολίας, περίπου τρεις μήνες μετά την ημέρα φυτέματος, (Οκτώβριος 2009) έγινε εξαγωγή των μοσχευμάτων από τη μονάδα της

υδρονέφωσης και πραγματοποιήθηκαν οι παρακάτω μετρήσεις: α) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που ριζοβόλησαν, β) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σάπισαν και γ) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σχημάτισαν κάλλο. Αντίστοιχες μετρήσεις διεξήχθησαν το Φεβρουάριο (2010) και τον Ιούλιο (2010) για τα μοσχεύματα που είχαν εγκατασταθεί στη μονάδα της υδρονέφωσης τρεις μήνες νωρίτερα.

#### **2.4 Δειγματοληψία μοσχευμάτων για τη μέτρηση των υδατανθράκων**

Από τα μοσχεύματα που εγκαταστάθηκαν στη μονάδα της υδρονέφωσης έγινε δειγματοληψία στις μηδέν, μία, τρεις, πέντε, επτά και δεκαπέντε ημέρες μετά τη φύτευση (θα αναφέρεται στο εξής ως ΗΜΦ) με στόχο να μελετήσουμε πιθανές αλλαγές στη συγκέντρωση των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας. Κατά τη δειγματοληψία λαμβάνονταν μόνο 2 cm του βλαστού από τη βάση των μοσχευμάτων, επειδή στο τμήμα αυτό λαμβάνει χώρα η ριζοβολία.

Οι δειγματοληψίες διενεργήθηκαν σε μοσχεύματα που είχαν δεχτεί και τις δύο επεμβάσεις (IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> και μάρτυρας). Σε κάθε δειγματοληψία και για κάθε επέμβαση λαμβάνονταν 100 μοσχεύματα ανά επανάληψη (400 μοσχεύματα ανά επέμβαση) για κάθε μια από τις δύο μελετώμενες ποικιλίες. Τα δείγματα αμέσως μετά τη κοπή τους τοποθετήθηκαν μέσα σε τούλινα σακουλάκια με κατάλληλη σήμανση αναλόγως της επέμβασης και μεταφέρθηκαν στο εργαστήριο Δενδροκομίας του ΓΠΑ μέσα σε πλαστικά φορητά ψυγεία με ξηρό πάγο. Στο εργαστήριο τα δείγματα λυοφιλιώθηκαν με τη χρήση λυοφιλιωτή (freeze-dryer), όπου παρέμειναν έως ότου αποκτήσουν σταθερό ξηρό βάρος (72h). Μετά την έξοδό τους από το λυοφιλιωτή, λειοτριβήθηκαν σε μύλο άλεσης (MF 10 basic, IKA WERKE), στη συνέχεια τοποθετήθηκαν σε αριθμημένα πλαστικά σακουλάκια και αποθηκεύτηκαν στην κατάψυξη σε θερμοκρασία μικρότερη των -25 °C έως ότου να πραγματοποιηθούν οι διάφορες βιοχημικές αναλύσεις όπως περιγράφονται πιο κάτω. Κατά το χρονικό διάστημα που τα δείγματα παρέμειναν στην κατάψυξη ανά τακτά χρονικά διαστήματα γινόταν καταγραφή της μέγιστης και της ελάχιστης θερμοκρασίας με τη χρήση θερμομέτρου μεγίστου-ελαχίστου που είχε τοποθετηθεί εντός του καταψύκτη για όσο χρονικό διάστημα τα δείγματα παρέμειναν εκεί.

Η παραπάνω διαδικασία επαναλήφθηκε και για τις τρεις εποχές που πραγματοποιήθηκαν τα πειράματα.

## 2.5 Βιοχημικές αναλύσεις

Στα δείγματα των μοσχευμάτων που συλλέχθηκαν πραγματοποιήθηκαν οι πιο κάτω βιοχημικές αναλύσεις οι οποίες περιγράφονται συνοπτικά παρακάτω:

- Εκχύλιση αρχικά με νερό και ανάλυση στη συνέχεια των διαλυτών σακχάρων με τη μέθοδο της υγρής χρωματογραφίας υψηλής πίεσεως (HPLC).
- Προσδιορισμός της συγκέντρωσης του αμύλου με ενζυματική μέθοδο και χρήση φασματοφωτομέτρου.
- Εκχύλιση και ανάλυση με τη μέθοδο της HPLC των πολυαμινών.
- Εκχύλιση και μέτρηση στο φασματοφωτόμετρο των ολικών φαινολικών ενώσεων, των ολικών φλαβονολών, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών ορθοδιφαινολών.
- Εκχύλιση και ανάλυση των μεμονωμένων φαινολικών ενώσεων στην HPLC.
- Μέτρηση της ενεργότητας της υπεροξειδάσης της γουαϊακόλης (guaiacol) (POD), της πολυφαινολοξειδάσης (PPO) και της IAA οξειδάσης (IAA-oxidase).

### 2.5.1 Πειραματικές μέθοδοι

Τα σάκχαρα εκχυλίστηκαν με HPLC νερό σύμφωνα με τη μέθοδο των Roussos et al. (2010) και τα μεμονωμένα σάκχαρα μετρήθηκαν με τη μέθοδο της υγρής χρωματογραφίας σύμφωνα με τους Vemmos (1999) και Roussos et al. (2010). Το άμυλο μετρήθηκε με τη μέθοδο Vemmos (1999), οι πολυαμίνες με τη μέθοδο Pedrol και Tiburcio (2001), τα ολικά φαινολικά σύμφωνα με τη μέθοδο των Roussos και Pontikis (2001), τα φλαβονοειδή με τη μέθοδο Bamdad et al. (2006), οι ολικές φλαβανόλες κατά Arnous et al. (2002) και οι ο-διφαινόλες σύμφωνα με τους Roussos και Pontikis (2001). Η εκχύλιση του πρωτεϊνικού περιεχομένου των βάσεων των μοσχευμάτων πραγματοποιήθηκε σύμφωνα με τους Kochhar et al. (2008) και ο προσδιορισμός του ολικού πρωτεϊνικού περιεχομένου σύμφωνα τη μέθοδο Bradford (1976). Η μέτρηση της ενεργότητας της PPO και της POD έγινε σύμφωνα με τους Flurkey και Jen (1978) και η μέτρηση της ενεργότητας της IAA oxidase σύμφωνα με τους Liu et al. (1996).

Η περιγραφή των μεθόδων ανάλυσης των σακχάρων και του αμύλου παρουσιάζεται πιο κάτω ενώ των υπολοίπων παραμέτρων γίνεται στα επιμέρους ειδικά κεφάλαια.

## 2.6 Εκχύλιση και ανάλυση διαλυτών σακχάρων

Ο προσδιορισμός της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις βάσεις των μοσχευμάτων έγινε σύμφωνα με τους Vemmos (1999) και Roussos et al. (2010) και περιγράφεται αναλυτικά πιο κάτω:

- Ζυγίζονται 30 mg ξηρής ουσίας από κάθε δείγμα (χρήση ζυγού ακριβείας, KERN 410).
- Προστίθενται 2 mL HPLC νερού.
- Ανάδευση του δείγματος (Vortex).
- Εκχύλιση των σακχάρων σε φούρνο μικροκυμάτων (MW) για 1,5 min στα 400 Watt.
- Φυγοκέντρωση για 5 min στα 4000 rpm και διατήρηση του υπερκειμένου.
- Στο ίζημα, προστίθενται 2 mL νερού HPLC.
- Ανάδευση του δείγματος (Vortex).
- Δεύτερη εκχύλιση των σακχάρων που εναπόμειναν στον ιστό στο φούρνο μικροκυμάτων για 1,5 min στα 400 Watt.
- Φυγοκέντρωση για 5 min στα 4000 rpm.
- Ένωση των δύο υπερκειμένων.
- Φιλτράρισμα με φίλτρο σύριγγας διαμέτρου πόρων 0,22 μm.
- Ανάλυση των σακχάρων με τη μέθοδο της υγρής χρωματογραφίας.

Η ανάλυση των δειγμάτων έγινε με αντλία HPLC (Waters, model 510), σε στήλη Hamilton  $\text{Ca}^{2+}$ , στους 80 °C, με κινητή φάση νερό και ροή 0,6 mL min<sup>-1</sup>. Η ανίχνευση των σακχάρων έγινε με ανιχνευτή δείκτη διάθλασης RI (HP 1047A) και η επεξεργασία των χρωματογραφημάτων έγινε μέσω ειδικού προγράμματος στον ηλεκτρονικό υπολογιστή (PeakSimple Chromatography Data System, SRI Model 302). Ο προσδιορισμός της συγκέντρωσης των σακχάρων έγινε με βάση την καμπύλη αναφοράς των συγκεκριμένων προτύπων των σακχάρων. Οι πρότυπες ουσίες που χρησιμοποιήθηκαν ήταν η σταχυόζη, η ραφινόζη, η σακχαρόζη, η γλυκόζη, η φρουκτόζη και η μαννιτόλη σε συγκεντρώσεις 1000 mg L<sup>-1</sup>, 500 mg L<sup>-1</sup>, 250 mg L<sup>-1</sup>, 125 mg L<sup>-1</sup> και 62,5 mg L<sup>-1</sup>.

## 2.7 Εκχύλιση και μέτρηση του αμύλου

Ο προσδιορισμός του αμύλου έγινε σύμφωνα με την ενζυματική μέθοδο Venmos (1999). Η διαδικασία για την εκχύλιση και τη μέτρηση του αμύλου ήταν η ακόλουθη:

- Το ξηρό στερεό υπόλειμμα μετά την εκχύλιση των σακχάρων ξεπλένεται δύο φορές με 5 mL 75% v/v αιθανόλη και μια φορά με 5 mL 100% v/v αιθανόλη.
- Προστίθεται 1 mL NaOH 0,5 N και ακολουθεί ανάδευση.
- Τα δείγματα αφήνονται για 20 min σε θερμοκρασία δωματίου για ζελατινοποίηση του αμύλου.
- Προστίθενται 0,55 mL οξικό οξύ 2 M (CH<sub>3</sub>COOH).
- Διενεργείται φυγοκέντρηση για 5 min στα 4000 rpm.
- Από το υπερκείμενο λαμβάνονται 0,5 mL και προστίθενται 0,5 mL διαλύματος ενζύμου αμυλογλυκοζιδάσης (Sigma Chemical Inc., St. Louis, MO, U.S.A).
- Ακολουθεί ανάδευση και τοποθέτηση στο υδατόλουτρο για 1 h στους 55 °C.
- Προστίθενται 0,2 mL NaOH 1 N για εξουδετέρωση και ακολουθεί ανάδευση.
- Λαμβάνονται 0,5 mL υπερκειμένου στο οποίο προστίθενται 2 mL ενζύμου glucose oxidase-peroxidase (GOD-POD reagent) της εταιρείας Biosis (GOD/PAP; Biosis, Athens, Greece).
- Τοποθέτηση των δειγμάτων σε υδατόλουτρο στους 37 °C για 15 min.

Το χρώμα μετρήθηκε με φασματοφωτόμετρο (Ηελιος γ, Unicam, UK) σε μήκος κύματος 510 nm. Ο προσδιορισμός των δειγμάτων έγινε με βάση την καμπύλη αναφοράς των προτύπων συγκεντρώσεων του αμύλου. Η πρότυπη ουσία που χρησιμοποιήθηκε ήταν το άμυλο σε συγκεντρώσεις 1000 mg L<sup>-1</sup>, 500 mg L<sup>-1</sup>, 250 mg L<sup>-1</sup>, 125 mg L<sup>-1</sup>, 62,5 mg L<sup>-1</sup> και 31,25 mg L<sup>-1</sup>.

## 2.8 Στατιστική ανάλυση

Η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων έγινε με το στατιστικό πακέτο JMP 7 για τα Windows. Η ανάλυση που ακολουθήθηκε ήταν ανάλυση διασποράς για το παραγοντικό μέρος του πειράματος (Multi Factor ANOVA) με παράγοντες τις δύο ποικιλίες ('Arbequina' και 'Καλαμών'), τις ημέρες μετά τη φύτευση (0, 1, 3, 5, 7 και 15 ημέρες) και την ορμονική επέμβαση (IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> και μάρτυρας). Οι

σημαντικές διαφορές βρέθηκαν χρησιμοποιώντας το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία του Tukey's HSD, σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$ . Επίσης, πραγματοποιήθηκε γραμμική συσχέτιση για την εύρεση πιθανής στατιστικής σχέσης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων και των μετρούμενων υδατανθράκων. Τα αποτελέσματα παρουσιάζονται και περιγράφονται αναλυτικά παρακάτω σε πίνακες και σχεδιαγράμματα.

### 3. Αποτελέσματα

#### 3.1 Επίδραση των ορμονών στη ριζοβολία

Τα αποτελέσματα των πειραμάτων έδειξαν ότι τα μοσχεύματα και των δύο μελετώμενων ποικιλιών ελιάς διαφέρουν σημαντικά ως προς την ικανότητα ριζοβολίας τους (Πίνακες 6, 7 και 8). Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας επιτεύχθηκαν στην ποικιλία ‘Arbequina’ που έφθασαν μέχρι το ποσοστό 76% την περίοδο του φθινοπώρου, ενώ η ποικιλία ‘Καλαμών’ ριζοβόλησε σε πολύ μικρά ποσοστά (1-3%) (Εικόνες 9 και 10). Αξιοσημείωτο είναι το γεγονός ότι στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ καταγράφηκε το μεγαλύτερο ποσοστό σήψεων (Εικόνες 11 και 12).

Η εξωγενής εφαρμογή του IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> προώθησε σημαντικά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτως εποχής (Πίνακες 6, 7 και 8). Ωστόσο, στη δύσκολη για ριζοβολία ποικιλία ‘Καλαμών’ η εφαρμογή της αυξίνης ήταν αναποτελεσματική στην επαγωγή ριζοβολίας. Η εποχή φαίνεται να ασκεί σημαντική επίδραση στη ριζοβολία των μοσχευμάτων (Πίνακες 6, 7 και 8). Το ποσοστό ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ‘Arbequina’ ήταν υψηλότερο το καλοκαίρι (76%) (Πίνακας 6) και ακολουθεί αυτό του φθινοπώρου (40%) (Πίνακας 7), ενώ την άνοιξη το ποσοστό ριζοβολίας ήταν το χαμηλότερο (37%) (Πίνακας 8). Από την άλλη πλευρά, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ριζοβόλησαν σε ποσοστό 1% το καλοκαίρι και την άνοιξη (Πίνακες 6 και 8), ενώ το φθινόπωρο το ποσοστό έφτασε στο 3% (Πίνακας 7).

**Πίνακας 6.** Επίδραση του IBA και της εποχής στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ (καλοκαίρι 2009-2010).

Επεμβάσεις	Καλοκαίρι					
	Arbequina			Καλαμών		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
Μάρτυρας	40a	19a	41b	71a	29a	0a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	18b	6b	<b>76a</b>	72a	27a	1a

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=20$ ).

**Πίνακας 7.** Επίδραση του IBA και της εποχής στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ (φθινόπωρο 2009-2010).

<b>Φθινόπωρο</b>						
<b>Επεμβάσεις</b>	<b>Arbequina</b>			<b>Καλαμών</b>		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
Μάρτυρας	47a	29a	24b	97a	3b	0a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	32b	28a	<b>40a</b>	49b	48a	<b>3a</b>

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=20$ ).

**Πίνακας 8.** Επίδραση του IBA και της εποχής στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ (άνοιξη 2009-2010).

<b>Άνοιξη</b>						
<b>Επεμβάσεις</b>	<b>Arbequina</b>			<b>Καλαμών</b>		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
Μάρτυρας	74a	10a	16b	98a	2a	0a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	60a	3b	<b>37a</b>	94a	5a	<b>1a</b>

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=20$ ).

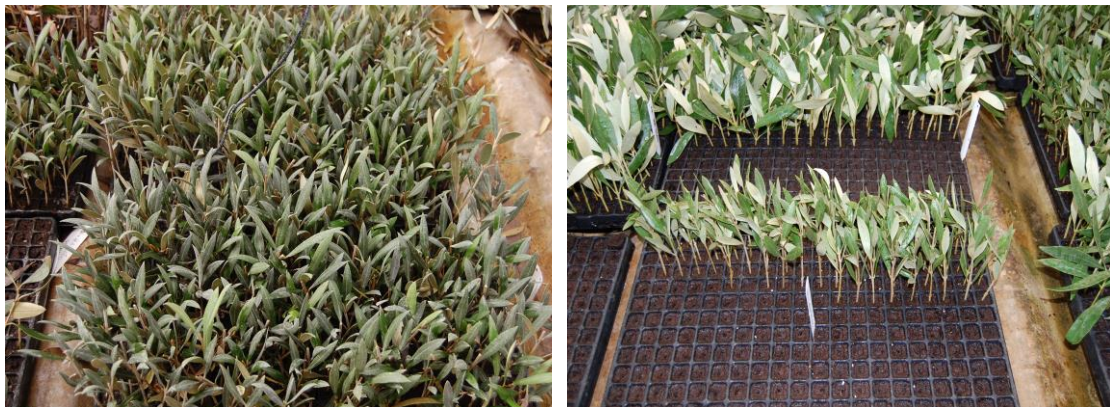


**Εικόνα 9.** Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ με σχηματισμένο κάλλο (αριστερά) και ρίζα (δεξιά) (2009-2010).





**Εικόνα 10.** Ριζοβολημένα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ (2009-2010).



**Εικόνα 11.** Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ εντός της μονάδας της υδρονέφωσης 15 ημέρες μετά τη φύτευση (2009-2010).

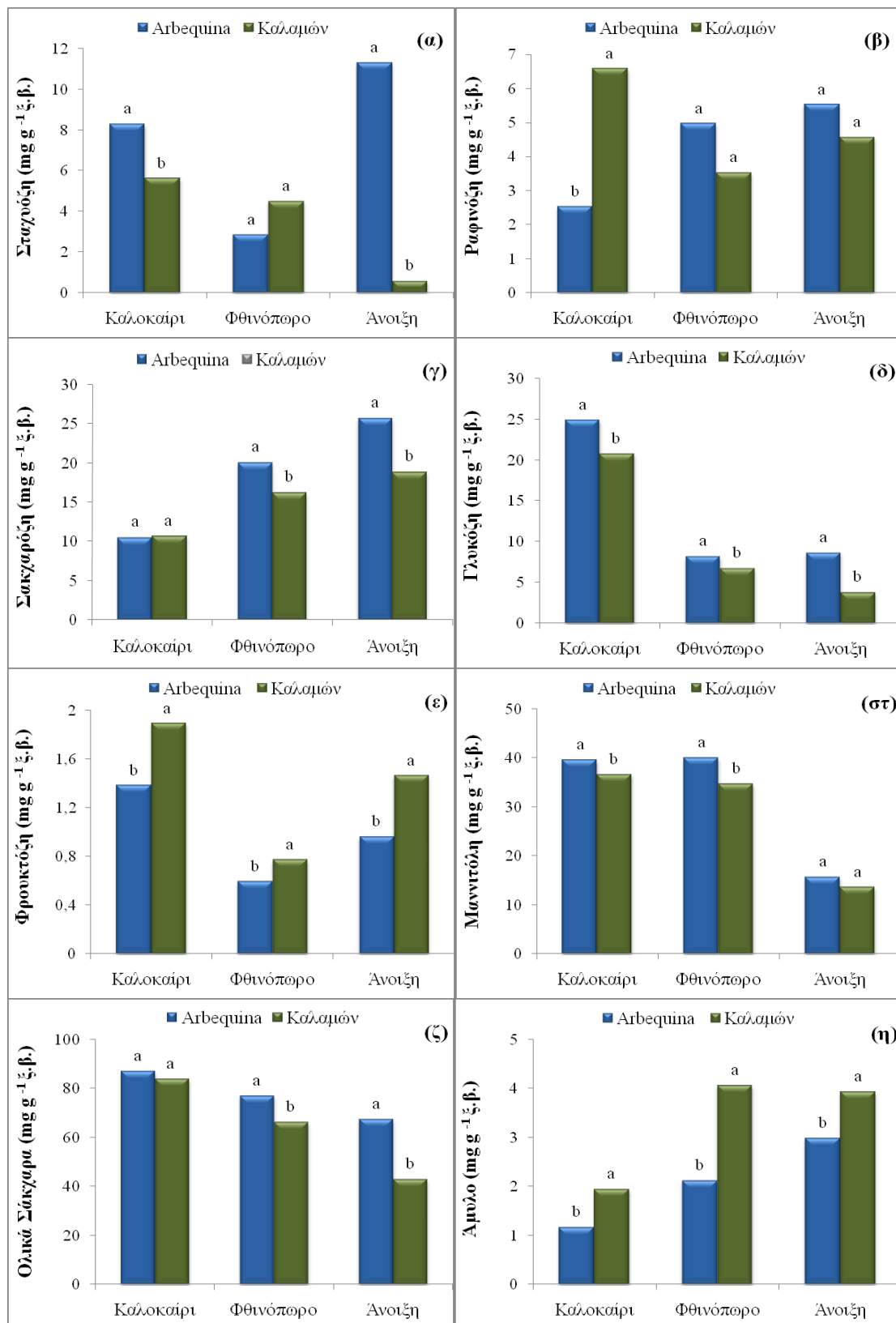


**Εικόνα 12.** Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ εντός της μονάδας της υδρονέφωσης 15 ημέρες μετά τη φύτευση (2009-2010).

### 3.2 Αρχική συγκέντρωση υδατανθράκων

Σύμφωνα με το σχεδιάγραμμα 3 (α-ζ) τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερες αρχικές συγκεντρώσεις μεμονωμένων και ολικών σακχάρων από τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Εξαιρεση αποτέλεσαν οι συγκεντρώσεις της φρουκτόζης και του αμύλου που ήταν για όλες τις μελετώμενες περιόδους στατιστικά σημαντικά μεγαλύτερες στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (Σχεδ. 3ε και 3η). Μεταξύ των σακχάρων και στις δύο ποικιλίες κυρίαρχη ήταν η μαννιτόλη, ακολουθούμενη από τη σακχαρόζη και τη γλυκόζη. Επίσης, παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα τόσο της ‘Arbequina’ όσο και της ‘Καλαμών’ είχαν αυξημένη συγκέντρωση σακχάρων το καλοκαίρι, ενώ η υψηλότερη συγκέντρωση αμύλου παρατηρήθηκε την περίοδο της ανοίξεως.

Την περίοδο του καλοκαιριού οι αρχικές συγκεντρώσεις της σταχυόζης, γλυκόζης και μαννιτόλης ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερες στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’. Αντιθέτως, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ παρουσίασαν υψηλότερες αρχικές συγκεντρώσεις ραφινόζης, φρουκτόζης και αμύλου, ενώ για την αρχική συγκέντρωση της σακχαρόζης και των ολικών σακχάρων δεν παρατηρήθηκαν σημαντικές διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών. Τα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ είχαν σημαντικά υψηλότερες αρχικές συγκεντρώσεις σακχαρόζης, γλυκόζης, μαννιτόλης και ολικών σακχάρων την περίοδο του φθινοπώρου, ενώ τα μοσχεύματα της ‘Καλαμών’, την ίδια περίοδο, παρουσίασαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση φρουκτόζης και αμύλου. Τέλος, την άνοιξη η συγκέντρωση της σταχυόζης, της σακχαρόζης, της γλυκόζης και των ολικών σακχάρων ήταν σημαντικά υψηλότερη στην ποικιλία ‘Arbequina’. Αντίθετα η ποικιλία ‘Καλαμών’ είχε σημαντικά μεγαλύτερη συγκέντρωση φρουκτόζης και αμύλου.



**Σχεδιάγραμμα 3.** Αρχική συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων (α-στ), των ολικών σακχάρων (ζ) και του αμύλου (η) στις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Στατιστικά σημαντική θετική συσχέτιση βρέθηκε μεταξύ της ριζοβολίας της ‘Arbequina’ και των αρχικών συγκεντρώσεων της γλυκόζης, της φρουκτόζης και των ολικών σακχάρων (Πίνακας 9). Αντιθέτως, παρατήθηκε σημαντικά αρνητική συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας και της αρχικής συγκέντρωσης της ραφινόζης, της σακχαρόζης και του αμύλου. Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ βρέθηκε σημαντική αρνητική συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας και της αρχικής συγκέντρωσης της ραφινόζης και της φρουκτόζης (Πίνακας 10). Επίσης, δε βρέθηκε συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας και της συγκέντρωσης των υπόλοιπων υδατανθράκων.

**Πίνακας 9.** Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010).

	P value	r	r <sup>2</sup>	Εξίσωση συσχέτισης
Σταχυόζη	ns	-0,12	1,49	$Rt = 27,85 - 0,33 \times \text{Σταχυόζη}$
Ραφινόζη	*	-0,60	36,31	$Rt = 45,41 - 4,66 \times \text{Ραφινόζη}$
Σακχαρόζη	***	-0,86	73,73	$Rt = 56,62 - 1,68 \times \text{Σακχαρόζη}$
Γλυκόζη	***	0,87	76,11	$Rt = 5,87 + 1,39 \times \text{Γλυκόζη}$
Φρουκτόζη	*	0,71	50,01	$Rt = -6,44 + 30,56 \times \text{Φρουκτόζη}$
Μαννιτόλη	ns	0,48	22,81	$Rt = 8,59 + 0,52 \times \text{Μαννιτόλη}$
Ολικά Σάκχαρα	*	0,70	49,50	$Rt = -61,56 + 1,11 \times \text{Ολικά Σάκχαρα}$
Άμυλο	***	-0,86	74,78	$Rt = 53,87 - 13,72 \times \text{Άμυλο}$

Επεξηγήσεις: Rt, ποσοστό ριζοβολίας – P, πιθανότητα – r, συντελεστής συσχέτισης των συντελεστών – \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

**Πίνακας 10.** Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010).

	P value	r	r <sup>2</sup>	Εξίσωση συσχέτισης
Σταχυόζη	ns	0,30	8,9	$Rt = 1,24 + 0,12 \times \text{Σταχυόζη}$
Ραφινόζη	*	-0,65	42	$Rt = 3,70 - 0,42 \times \text{Ραφινόζη}$
Σακχαρόζη	ns	0,18	3,2	$Rt = 0,92 + 0,05 \times \text{Σακχαρόζη}$
Γλυκόζη	ns	-0,36	12,9	$Rt = 2,12 - 0,04 \times \text{Γλυκόζη}$
Φρουκτόζη	***	-0,90	81	$Rt = 3,6 - 1,49 \times \text{Φρουκτόζη}$
Μαννιτόλη	ns	0,44	19	$Rt = 0,55 + 0,04 \times \text{Μαννιτόλη}$
Ολικά Σάκχαρα	ns	0,09	0,75	$Rt = 1,36 + 0,005 \times \text{Ολικά Σάκχαρα}$
Άμυλο	ns	0,43	19	$Rt = 0,21 + 0,40 \times \text{Άμυλο}$

Επεξηγήσεις: Rt, ποσοστό ριζοβολίας – P, πιθανότητα – r, συντελεστής συσχέτισης των συντελεστών – \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

### **3.3 Μεταβολές στη συγκέντρωση των υδατανθράκων στην πορεία της ριζοβολίας**

#### **3.3.1 Καλοκαίρι**

Σύμφωνα με τον πίνακα 11 η ποικιλία και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τις συγκεντρώσεις των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου, με εξαίρεση τη συγκέντρωση της ραφινόζης για τις ΗΜΦ. Η επέμβαση με αυξίνη φαίνεται να επηρέασε σημαντικά τη συγκέντρωση της σταχυόζης, της ραφινόζης, της σακχαρόζης και της γλυκόζης. Η αλληλεπίδραση ημερών και ποικιλίας ήταν επίσης σημαντική για όλα τα σάκχαρα εκτός της ραφινόζης και του αμύλου. Οι αλληλεπιδράσεις της επέμβασης με IBA με τους άλλους παράγοντες δε φαίνεται να άσκησαν σημαντική επίδραση επί των συγκεντρώσεων των διαλυτών σακχάρων και του αμύλου με κάποιες εξαιρέσεις.

**Πίνακας 11.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

	Συγκέντρωση Υδατανθράκων ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)							
	Σταχυόζη	Ραφινόζη	Σακχαρόζη	Γλυκόζη	Φρουκτόζη	Μαννιτόλη	Ολικά Σάκχαρα	Άμυλο
<b>Ποικιλία</b>	***	***	***	***	***	***	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	*	*	*	***	ns	ns	ns	ns
<b>Ημέρες</b>	***	ns	***	***	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	**	ns	***	ns	ns	ns	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	ns	***	***	***	***	***	ns
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	ns	ns	ns	***	ns	ns	ns

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Στον πίνακα 12 παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση σταχυόζης, σακχαρόζης, γλυκόζης, φρουκτόζης, μαννιτόλης και ολικών σακχάρων σε σχέση με αυτά της ‘Καλαμών’. Αντιθέτως, η συγκέντρωση της ραφινόζης και του αμύλου ήταν στατιστικά σημαντικά μεγαλύτερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Τα μοσχεύματα που δέχτηκαν τη μεταχείριση με IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη σταχυόζη και σακχαρόζη, ενώ το αντίθετο ισχύει για τη συγκέντρωση της ραφινόζης και της γλυκόζης. Ωστόσο, η επέμβαση με αυξίνη δε φαίνεται να επέδρασε σημαντικά επί της συγκέντρωσης της φρουκτόζης, της μαννιτόλης, των ολικών σακχάρων και του αμύλου. Όσον αφορά την επίδραση των ημερών, ανεξαρτήτου επέμβασης και ποικιλίας, παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση της σταχυόζης ήταν μέγιστη στην αρχή της φύτευσης (0 ημέρες), της γλυκόζης 1 ΗΜΦ και της μαννιτόλης 7 ΗΜΦ (Πίνακας 12). Η συγκέντρωση της σακχαρόζης ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλή 5 και 7 ΗΜΦ, ενώ η συγκέντρωση της φρουκτόζης βρέθηκε αυξημένη την 3<sup>η</sup>, 5<sup>η</sup> και 7<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας.

Στο σχεδιάγραμμα 4 (α-η) παρατηρούμε ότι οι συγκεντρώσεις όλων των διαλυτών σακχάρων και του αμύλου, με εξαίρεση τη ραφινόζη, μειώθηκαν σημαντικά 15 ΗΜΦ. Αναλυτικά, βλέπουμε ότι τόσο τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ όσο και της ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου επέμβασης παρουσίασαν την υψηλότερη συγκέντρωση σταχυόζης στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) (Σχεδ. 4α). Τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ και κυρίως του μάρτυρα, είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση ραφινόζης σε ολόκληρη τη διάρκεια της ριζοβολίας των 15 ημερών σε σχέση με αυτά της ‘Arbequina’ (Σχεδ. 4β). Αντιθέτως, στην ποικιλία ‘Arbequina’ δεν παρατηρήθηκαν σημαντικές μεταβολές στη συγκέντρωση της ραφινόζης, με τις υψηλότερες τιμές να καταγράφονται για τον μάρτυρα 3 ΗΜΦ και για τη μεταχείριση με IBA 15 ΗΜΦ.



**Πίνακας 12.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμιών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

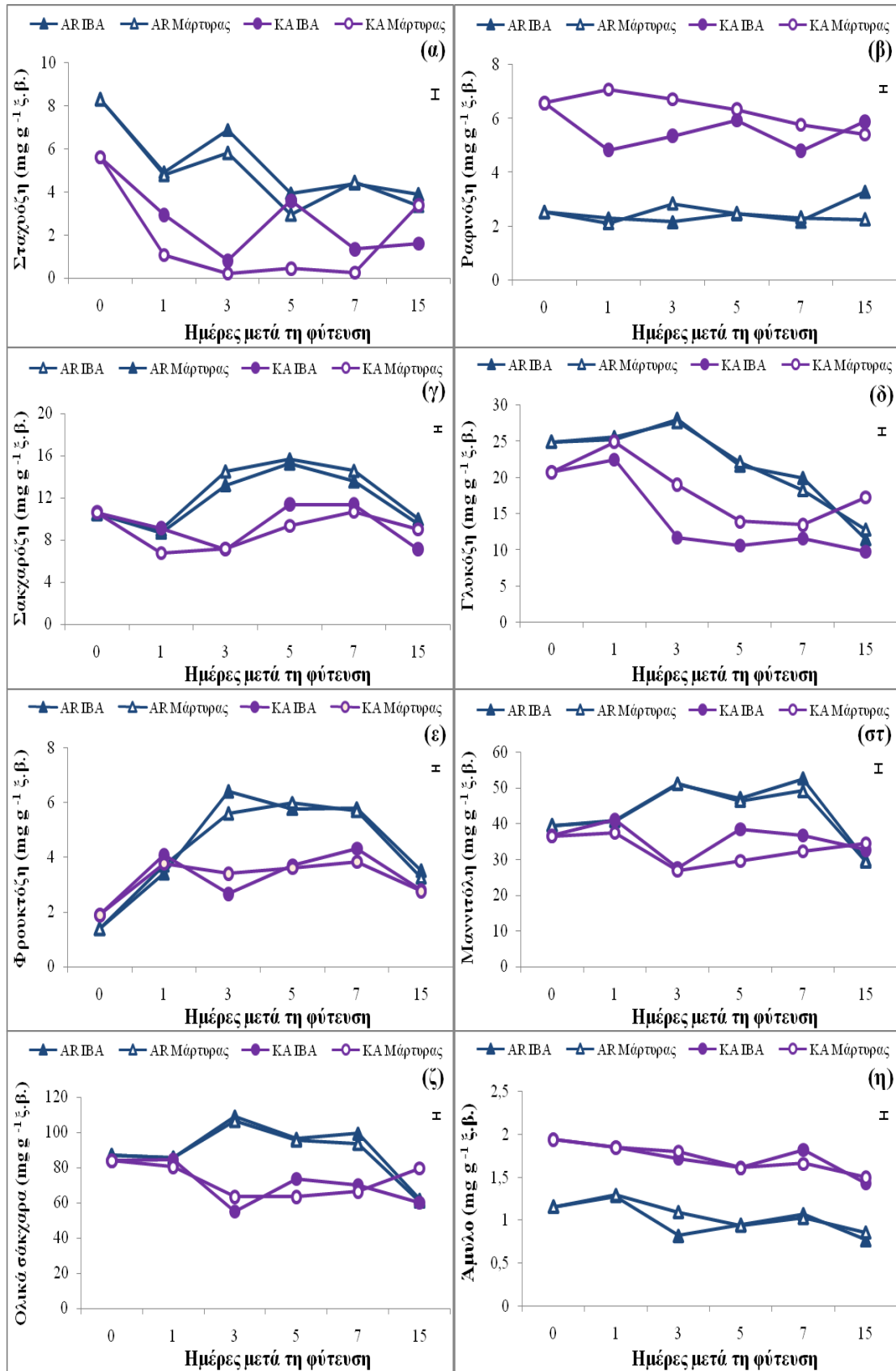
Παράμετρος	Συγκέντρωση Υδατανθράκων ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)							
	Σταχυόζη	Ραφινόζη	Σακχαρόζη	Γλυκόζη	Φρουκτόζη	Μαννιτόλη	Ολικά Σάκχαρα	Άμυλο
<b>Ποικιλία</b>								
Arbequina	5,16a	2,46b	12,06a	21,89a	4,32a	43,10a	88,99a	1,04b
Καλαμιών	2,24b	5,94a	9,24b	16,58b	3,40b	34,51b	71,77b	1,73a
<b>Επεμβάσεις</b>								
Μάρτυρας	3,38b	4,37a	10,38b	20,19a	3,91a	38,16a	80,34a	1,39a
IBA 2000 $\text{mg L}^{-1}$	4,02a	4,03b	10,91a	18,28b	3,81a	39,45a	80,43a	1,37a
<b>Ημέρες</b>								
0	6,96a	4,55a	10,67b	23,58ab	1,63c	38,05b	85,45a	1,55a
1	3,43b	4,08a	8,38c	24,56a	3,75b	39,75ab	83,87a	1,57a
3	3,43b	4,27a	10,50b	21,59b	4,52a	39,15ab	83,42a	1,36a
5	2,73b	4,30a	12,91a	17,07c	4,77a	40,39ab	82,08a	1,27a
7	2,61b	3,77a	12,53a	15,79c	4,92a	42,64a	82,23a	1,39a
15	3,05b	4,21a	8,91c	12,82d	3,58b	32,85c	65,24b	1,14b

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).



Η στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση σακχαρόζης και φρουκτόζης παρατηρήθηκε τόσο για τα μοσχεύματα του μάρτυρα όσο και της μεταχείρισης με IBA της ποικιλίας ‘Arbequina’ στο διάστημα μεταξύ 3, 5 και 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 4γ και 4ε). Ωστόσο, η συγκέντρωση της σακχαρόζης είχε τη μέγιστη τιμή 5 ΗΜΦ, ενώ η φρουκτόζη 3 ΗΜΦ. Όσον αφορά τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ η σακχαρόζη ήταν μέγιστη στον μάρτυρα 0 και 7 ΗΜΦ, ενώ στα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με IBA 5 και 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 4γ). Αντιθέτως, η φρουκτόζη ήταν μέγιστη στα μοσχεύματα του μάρτυρα και της μεταχείρισης με IBA της ποικιλίας ‘Καλαμών’ 1 και 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 4ε).

Επίσης στα μοσχεύματα του μάρτυρα και της επέμβασης με IBA της ποικιλίας ‘Arbequina’ η συγκέντρωση της γλυκόζης και των ολικών σακχάρων ήταν μέγιστη την 3<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας (Σχεδ. 4γ και 4ζ), ενώ η μαννιτόλη ήταν μέγιστη 3 και 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 4στ). Αντίθετα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ τόσο του μάρτυρα όσο και σε αυτά που μεταχειρίστηκαν με IBA παρατηρήθηκε αυξημένη συγκέντρωση γλυκόζης, μαννιτόλης και ολικών σακχάρων την πρώτη ημέρα της ριζοβολίας (Σχεδ. 4δ, 4στ και 4ζ). Τέλος, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση του αμύλου δε μεταβλήθηκε σημαντικά στην πορεία της ριζοβολίας με εξαίρεση τις 15 ΗΜΦ όπου βρέθηκε στατιστικά σημαντική μείωση στη συγκέντρωσή του (Σχεδ. 4η). Η μεγαλύτερη συγκέντρωση αμύλου στην ‘Καλαμών’ βρέθηκε τόσο στο μάρτυρα όσο και στο IBA στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες), ενώ στην ποικιλία ‘Arbequina’ η αύξηση αυτή παρατηρήθηκε 1 ΗΜΦ.



**Σχεδιάγραμμα 4.** Μεταβολές της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.3.2 Φθινόπωρο

Σύμφωνα με τον πίνακα 13 η ποικιλία, οι ΗΜΦ καθώς και η αλληλεπίδραση των δύο παραπάνω παραμέτρων ήταν σημαντικές για τις συγκεντρώσεις όλων των διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου. Η επέμβαση με IBA φαίνεται να επηρέασε σημαντικά μόνο τη συγκέντρωση της φρουκτόζης. Τέλος, οι υπόλοιπες αλληλεπιδράσεις, με ορισμένες εξαιρέσεις, φαίνεται να είχαν σημαντική επίδραση επί των συγκεντρώσεων των διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου.

Στον πίνακα 14 παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση μεμονωμένων και ολικών σακχάρων σε σχέση με τα μοσχεύματα της ‘Καλαμών’. Αντιθέτως, η συγκέντρωση του αμύλου ήταν στατιστικά σημαντικά μεγαλύτερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Η επέμβαση με αυξίνη δε φαίνεται να επηρέασε σημαντικά τις συγκεντρώσεις των σακχάρων και του αμύλου, με εξαίρεση μόνο τη φρουκτόζη. Όσον αφορά την επίδραση των ημερών, ανεξαρτήτου επέμβασης και ποικιλίας, παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση της σταχυόζης ήταν μέγιστη 15 ΗΜΦ, της ραφινόζης 5 ΗΜΦ και της φρουκτόζης 7 ΗΜΦ (Πίνακας 14). Η συγκέντρωση της σακχαρόζης και των ολικών σακχάρων ήταν σημαντικά υψηλή 0 και 1 ΗΜΦ, της γλυκόζης 1 και 7 ΗΜΦ, ενώ η συγκέντρωση της μαννιτόλης βρέθηκε αυξημένη 0, 1 και 3 ΗΜΦ. Τέλος, η συγκέντρωση του αμύλου ήταν μέγιστη στην αρχή της ριζοβολίας.

**Πίνακας 13.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

	Συγκέντρωση Υδατανθράκων ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)							
	Σταχυόζη	Ραφινόζη	Σακχαρόζη	Γλυκόζη	Φρουκτόζη	Μαννιτόλη	Ολικά Σάκχαρα	Άμυλο
<b>Ποικιλία</b>	***	*	***	***	***	***	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	ns	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***	***	***	***	**
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	ns	**	***	***	**	***	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	*	ns	***	ns	***	ns	***	**
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	**	***	***	***	***	**	**
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	ns	**	***	**	ns	ns	ns

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

**Πίνακας 14.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών 'Arbequina' και 'Καλαμών' κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

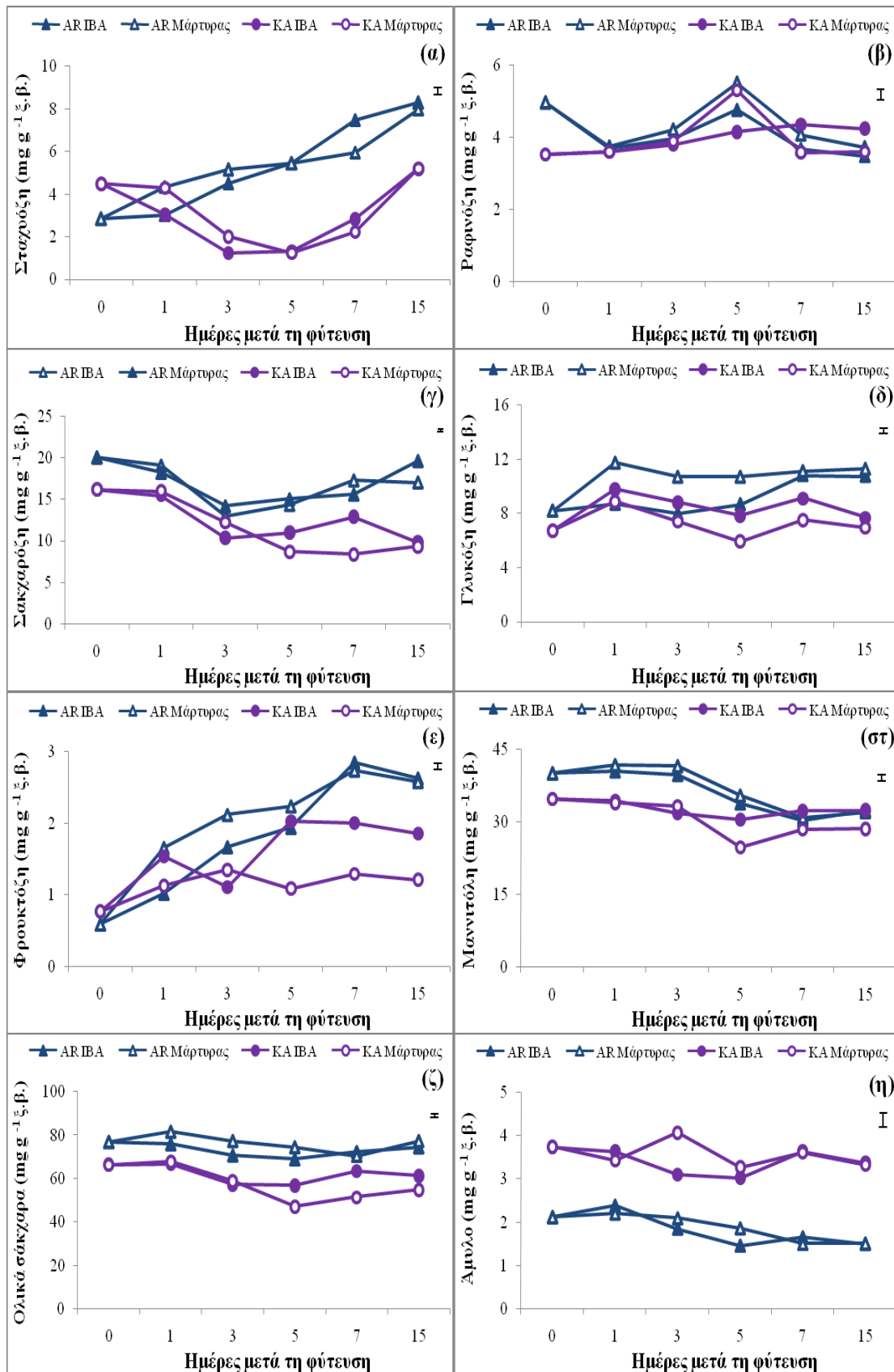
Παράμετρος	Συγκέντρωση Υδρανθράκων (mg g <sup>-1</sup> Ξηρού βόρους)							
	Σταχυόζη	Ραφινόζη	Σακχαρόζη	Γλυκόζη	Φρουκτόζη	Μαννιτόλη	Ολικά Σάκχαρα	Άμυλο
<b>Ποικιλία</b>								
Arbequina	5,28a	4,24a	16,94a	9,85a	1,92a	36,57a	74,79a	1,86b
Καλαμών	2,94b	3,93b	12,21b	7,79b	1,32b	31,68b	59,87b	3,44a
<b>Επέμβασεις</b>								
Μόλυβδας	4,16a	4,15a	14,46a	8,88a	1,56b	33,83a	67,03a	2,66a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	4,06a	4,02a	14,69a	8,76a	1,67a	34,42a	67,62a	2,63a
<b>Ημέρες</b>								
0	3,67bc	4,25b	18,11a	7,47d	0,68e	37,44a	71,62a	2,93a
1	3,42c	3,66b	17,18a	9,78a	1,34d	37,68a	73,06a	2,71ab
3	2,90c	3,97b	12,44c	8,54bc	1,56cd	36,64a	66,04b	2,80ab
5	3,37c	4,93a	12,25c	8,29c	1,82bc	31,13b	61,81c	2,41b
7	4,63b	3,92b	13,53b	9,65a	2,22a	30,49b	64,44bc	2,60ab
15	6,67a	3,76b	13,94b	9,18ab	2,07ab	31,36b	66,99b	2,43b

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Οι συγκεντρώσεις της ραφινόζης, της σακχαρόζης, της μαννιτόλης, των ολικών σακχάρων και του αμύλου μειώθηκαν σημαντικά 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 5β, 5γ, 5στ και 5η), ενώ το αντίθετο συνέβη για τη σταχυόζη, τη γλυκόζη και τη φρουκτόζη (Σχεδ. 5α, 5δ και 5ε). Παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση της σταχυόζης ήταν μέγιστη για το μάρτυρα και για την επέμβαση με IBA στα μοσχεύματα και των δύο ποικιλιών 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 5α). Η υψηλότερη συγκέντρωση ραφινόζης παρατηρήθηκε στην ποικιλία 'Arbequina' 0 και 5 ΗΜΦ (Σχεδ. 5β). Στα μοσχεύματα του μάρτυρα της ποικιλίας 'Καλαμών' η ραφινόζη ήταν αυξημένη 5 ΗΜΦ, ενώ στη μεταχείριση με IBA 7 ΗΜΦ. Επίσης παρατηρούμε ότι και στις δύο ποικιλίες, τόσο στα μοσχεύματα του μάρτυρα όσο και για την επέμβαση με IBA, η συγκέντρωση της σακχαρόζης ήταν αυξημένη στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες), την 3<sup>η</sup> ημέρα μειώθηκε σημαντικά και στη συνέχεια αυξήθηκε πάλι χωρίς όμως να φτάνει στα αρχικά επίπεδα (Σχεδ. 5γ). Όσον αφορά τη γλυκόζη βρέθηκε και στις δύο ποικιλίες μια πρώτη αύξηση της συγκέντρωσης αυτής 1 ΗΜΦ, η οποία ήταν πιο έντονη στα μοσχεύματα του μάρτυρα της ποικιλίας 'Arbequina' και μία δεύτερη αύξηση 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 5δ).

Η στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση φρουκτόζης μετρήθηκε στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 5ε). Αντιθέτως, στην ποικιλία 'Καλαμών' η υψηλότερη συγκέντρωση φρουκτόζης παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα του μάρτυρα 3 ΗΜΦ, ενώ για αυτά που μεταχειρίστηκαν με IBA την 5<sup>η</sup> και 7<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας. Η συγκέντρωση της μαννιτόλης ήταν αυξημένη στα μοσχεύματα και των δύο ποικιλιών στο διάστημα μεταξύ 0, 1 και 3 ημέρες (Σχεδ. 5στ). Στη συνέχεια την 5<sup>η</sup> ημέρα παρατηρήθηκε σημαντική μείωση της συγκέντρωσης της μαννιτόλης, η οποία ήταν πιο έντονη στα μοσχεύματα του μάρτυρα της ποικιλίας 'Καλαμών'.

Η συγκέντρωση των ολικών σακχάρων και στις δύο ποικιλίες ήταν αυξημένη την 1<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας (Σχεδ. 5ζ). Ωστόσο, η στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα του μάρτυρα της ποικιλίας 'Arbequina' 1 ΗΜΦ. Η συγκέντρωση του αμύλου ήταν μεγαλύτερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' σε όλη την περίοδο των 15 ημερών της ριζοβολίας, με τη στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση να παρατηρείται στα μοσχεύματα του μάρτυρα της ποικιλίας 'Καλαμών' 3 ΗΜΦ (Σχεδ. 5η).



**Σχεδιάγραμμα 5.** Μεταβολές της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.3.3 Ανοιξη

Στον πίνακα 15 παρατηρούμε ότι η ποικιλία επηρέασε σημαντικά τις συγκεντρώσεις των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου, με εξαίρεση τη συγκέντρωση της φρουκτόζης και της μαννιτόλης. Επίσης, οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τη συγκέντρωση των μεμονωμένων σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου, ενώ η επέμβαση με αυξίνη ήταν σημαντική μόνο για τη συγκέντρωση της ραφινόζης. Η αλληλεπίδραση ημερών και ποικιλίας ήταν επίσης σημαντική για όλα τα σάκχαρα και το άμυλο. Οι αλληλεπιδράσεις της επέμβασης με IBA με τους άλλους παράγοντες δε φαίνεται να είχαν σημαντική επίδραση επί των συγκεντρώσεων των διαλυτών σακχάρων και του αμύλου με κάποιες εξαιρέσεις.

Σύμφωνα με τον πίνακα 16, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση σταχυόζης, ραφινόζης, σακχαρόζης, γλυκόζης και ολικών σακχάρων σε σχέση με αυτά της ‘Καλαμών’. Αντιθέτως, η συγκέντρωση του αμύλου ήταν στατιστικά σημαντικά μεγαλύτερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, ενώ η συγκέντρωση της φρουκτόζης και της μαννιτόλης δεν παρουσίασε στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών. Επιπλέον, η συγκέντρωση της ραφινόζης ήταν σημαντικά υψηλότερη στα μοσχεύματα που δέχτηκαν τη μεταχείριση με IBA 2000 mg L<sup>-1</sup>. Τα μοσχεύματα ανεξαρτήτου ποικιλίας είχαν την υψηλότερη συγκέντρωση σταχυόζης και μαννιτόλης 0 και 1 ΗΜΦ. Οι μέγιστες συγκεντρώσεις σακχαρόζης, φρουκτόζης και ολικών σακχάρων μετρήθηκαν στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες), της ραφινόζης 7 ΗΜΦ και της γλυκόζης 0, 1 και 15 ΗΜΦ. Αντιθέτως, η συγκέντρωση του αμύλου δεν μεταβλήθηκε σημαντικά στο διάστημα μεταξύ 0 και 7 ημερών.

Στην πορεία της ριζοβολίας των 15 ημερών παρατηρήθηκε στατιστικά σημαντική μείωση στις συγκεντρώσεις των υδατανθράκων στην ποικιλία ‘Arbequina’ (Σχεδ. 6α-6η), με εξαίρεση τη φρουκτόζη από τα διαλυτά σάκχαρα (Σχεδ. 6ε). Αντίστοιχα, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε στατιστικά σημαντική μείωση στη συγκέντρωση της σακχαρόζης, της φρουκτόζης, των ολικών σακχάρων και του αμύλου (Σχεδ. 6γ, 6ε, 6ζ και 6η), ενώ η συγκέντρωση της γλυκόζης και της μαννιτόλης αυξήθηκε σημαντικά 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 6δ και 6στ).



**Πίνακας 15.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με ΙΒΑ και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μισχευμάτων κατά την περίοδο της ανοιξέως (2010).

	Συγκέντρωση Υδατανθράκων ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)									
	Σταχυόζη	Ραφινόζη	Σακχαρόζη	Γαλκόζη	Φρουκτόζη	Μαννιτόλη	Ολικά Σάκχαρα	Άμυλο		
<b>Ποικιλία</b>	***	*	**	***	ns	ns	***	***	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	ns	**	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
<b>Ημέρες</b>	***	**	***	***	***	**	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	***	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	***	***
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	**	***	***	***	***	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	*	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

**Πίνακας 16.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

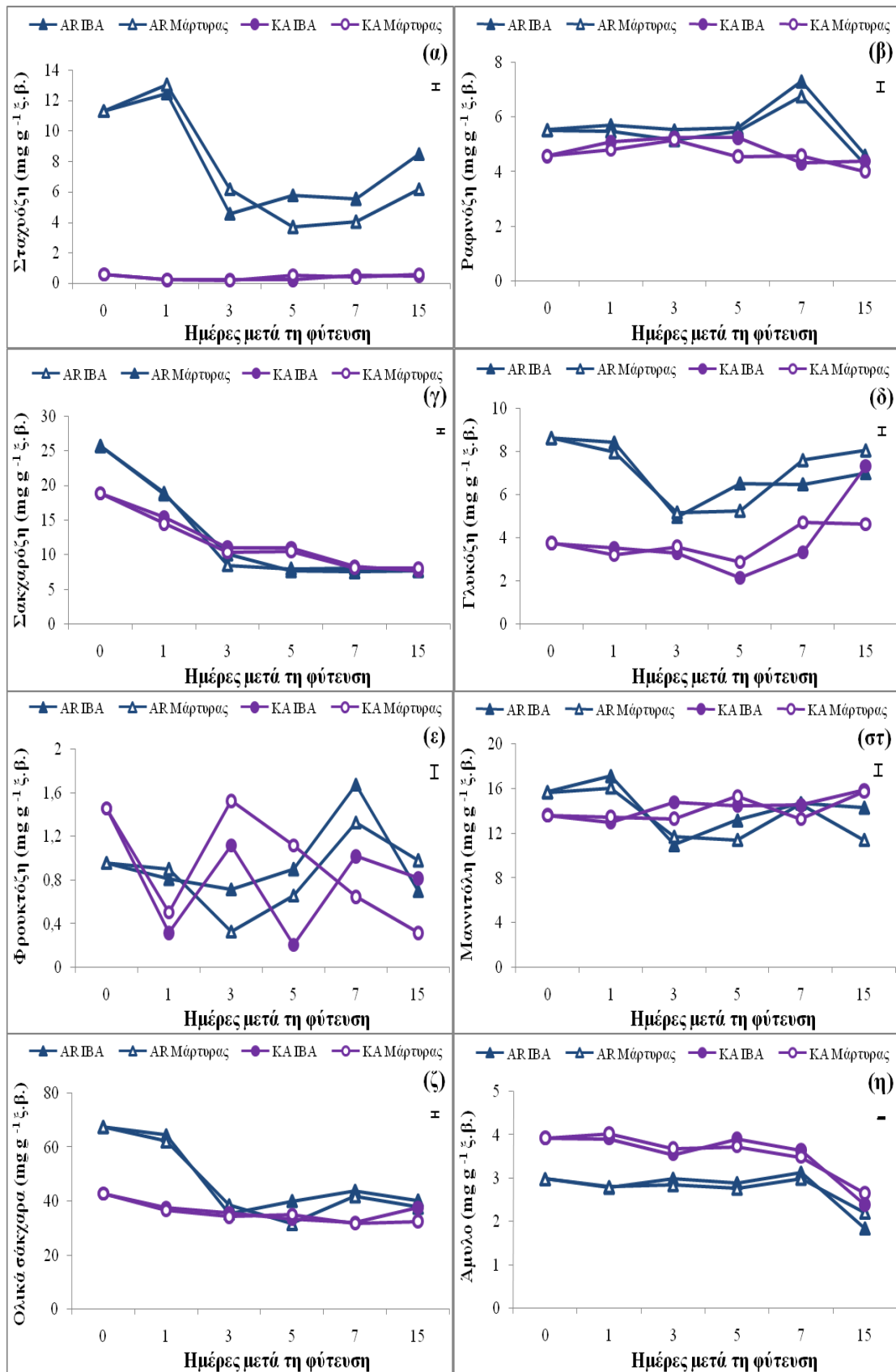
Παράμετρος	Συγκέντρωση Υδατανθράκων ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)							
	Σταχυόζη	Ραφινόζη	Σακχαρόζη	Γλυκόζη	Φρουκτόζη	Μαννιτόλη	Ολικά Σάκχαρα	Άμυλο
<b>Ποικιλία</b>								
Arbequina	7,71a	5,29a	12,86a	7,06a	0,92a	13,90a	47,55a	2,77b
Καλαμών	0,40b	4,73b	11,91b	3,85b	0,88a	14,24a	36,01b	3,57a
<b>Επεμβάσεις</b>								
Μάρτυρας	3,91a	4,67b	12,32a	5,46a	0,91a	13,80a	41,05a	3,17a
IBA 2000 $\text{mg L}^{-1}$	4,20a	5,34a	12,44a	5,45a	0,89a	14,34a	42,52a	3,16b
<b>Ημέρες</b>								
0	5,94a	5,05ab	22,28a	6,19a	1,21a	14,64a	55,19a	3,46a
1	6,48a	5,27ab	16,91b	5,79a	0,63c	14,91a	50,24b	3,38a
3	2,79c	5,27ab	10,01c	4,26bc	0,93bc	12,68b	35,94c	3,26a
5	2,55c	4,60ab	9,30cd	4,21c	0,72c	13,59ab	34,96c	3,32a
7	2,62c	5,75a	8,01de	5,54ab	1,17ab	14,29ab	37,36c	3,31a
15	3,93b	4,12b	7,80e	6,76a	0,71c	14,32ab	37,00c	2,27b

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Πιο αναλυτικά, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ η υψηλότερη συγκέντρωση σταχυόζης, γλυκόζης, μαννιτόλης και ολικών σακχάρων βρέθηκε στην αρχή της ριζοβολίας (0 και 1 ημέρες) (Σχεδ. 6α, 6δ, 6στ και 6ζ). Την 3<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας οι συγκεντρώσεις των παραπάνω σακχάρων μειώθηκαν σημαντικά και στη συνέχεια αυξήθηκαν χωρίς ωστόσο να φτάσουν στα αρχικά επίπεδα. Στην ποικιλία ‘Καλαμών’, η συγκέντρωση της γλυκόζης και της μαννιτόλης ήταν μέγιστη 15 ΗΜΦ και των ολικών σακχάρων στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες). Αντιθέτως, δεν παρατηρήθηκαν σημαντικές μεταβολές στη συγκέντρωση της σταχυόζης στην πορεία της ριζοβολίας.

Επίσης, στατιστικά σημαντικά αυξημένη συγκέντρωση ραφινόζης και φρουκτόζης βρέθηκε στα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 6β και 6ε), με την αύξηση αυτή να είναι πιο έντονη στα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με IBA. Στην ποικιλία ‘Καλαμών’ η συγκέντρωση της ραφινόζης αυξήθηκε σημαντικά την 3<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας, ενώ η φρουκτόζη ήταν αυξημένη 0 και 3 ΗΜΦ. Η συγκέντρωση της σακχαρόζης ήταν μέγιστη τόσο στα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ όσο και της ‘Καλαμών’ στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) (Σχεδ. 6γ). Την 3<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας η συγκέντρωση της σακχαρόζης μειώθηκε σημαντικά και παρέμεινε σε χαμηλά επίπεδα μέχρι και τη 15<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας.

Η συγκέντρωση του αμύλου ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ σε ολόκληρη την πορεία των 15 ημερών της ριζοβολίας (Σχεδ. 6η). Επίσης, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε μια πρώτη σημαντική μείωση στη συγκέντρωση του αμύλου 3 ΗΜΦ και μια δεύτερη μεγαλύτερη μείωση 15 ΗΜΦ. Αντίθετα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ ενώ η συγκέντρωση του αμύλου δε μεταβλήθηκε σημαντικά μέχρι την 7<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας, παρατηρούμε ότι υπήρξε σημαντική μείωση αυτού την 15<sup>η</sup> ημέρα.



**Σχεδιάγραμμα 6.** Μεταβολές της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

#### 4. Συζήτηση

Τα αποτελέσματα της ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων έδειξαν μια εποχική διακύμανση στην ποικιλία 'Arbequina', η οποία συνέπεσε με την αντίστοιχη διακύμανση που παρατηρήθηκε στις αρχικές συγκεντρώσεις των ολικών διαλυτών σακχάρων στις βάσεις των μοσχευμάτων αυτής της ποικιλίας. Οι del Rio et al. (1991) βρήκαν επίσης υψηλότερη ριζοβολία το καλοκαίρι σε μοσχεύματα ελιάς την οποία απέδωσαν στη διαθεσιμότητα και την κινητοποίηση των υδατανθράκων προς τη βάση των μοσχευμάτων. Στην παρούσα εργασία, η υψηλότερη ριζοβολία των μοσχευμάτων της 'Arbequina' το καλοκαίρι συνέπεσε με τις υψηλότερες αρχικές συγκεντρώσεις σε γλυκόζη, φρουκτόζη, μαννιτόλη και ολική συγκέντρωση σακχάρων (Σχεδ. 3δ, 3ε, 3στ και 3ζ). Επιπροσθέτως, το ποσοστό ριζοβολίας της 'Arbequina', σε αντίθεση με της 'Καλαμών', συσχετίστηκε σημαντικά με τις αρχικές συγκεντρώσεις των ολικών σακχάρων και με τις συγκεντρώσεις της φρουκτόζης και της γλυκόζης στη βάση των μοσχευμάτων (Πίνακες 9 και 10). Έχει βρεθεί ότι τα διαλυτά σάκχαρα και κυρίως η γλυκόζη, είναι σημαντικοί παράγοντες για το σχηματισμό των ριζικών καταβολών στα μοσχεύματα της ελιάς καθώς αποτελούν πηγές ενέργειας και δομικά υλικά των κυττάρων (del Rio et al., 1991; Wiesman και Lavee, 1995; Aslmoshtaghi και Shahsavar, 2010). Τα αποτελέσματα της μελέτης αυτής δείχνουν ότι η αρχική υψηλή συγκέντρωση διαλυτών σακχάρων το καλοκαίρι (Σχεδ. 3α-η) ενίσχυσε την ικανότητα των μοσχευμάτων για ριζοβολία. Επιπλέον, αναδεικνύουν πιθανό ειδικό ρόλο της γλυκόζης στη ριζοβολία, που δεν έχει αναφερθεί μέχρι σήμερα. Επίσης, επιβεβαιώνουν το σημαντικό ρόλο της θρεπτικής κατάστασης των μητρικών φυτών στη ριζοβολία των μοσχευμάτων όπως έχει προταθεί από άλλους ερευνητές (Couvillon, 1988; Wiesman και Lavee, 1995; Ozkaya και Celik, 1999; Hartmann et al., 2001).

Η εφαρμογή αυξίνης, έχει αναφερθεί ότι μπορεί να αυξήσει τη συγκέντρωση των υδατανθράκων στη ζώνη ριζοβολίας των μοσχευμάτων διεγείροντας τη δραστηριότητα των υδρολυτικών ενζύμων ή προκαλώντας την κίνηση των υδατανθράκων προς τη βάση των μοσχευμάτων, προάγοντας με αυτό τον τρόπο τη ριζοβολία (Nanda et al., 1971; Haissig, 1989; Husen και Pal, 2007). Στην παρούσα μελέτη η εφαρμογή του IBA δεν είχε σημαντική επίδραση στη συγκέντρωση των σακχάρων στη βάση των μοσχευμάτων κατά τη διάρκεια των πρώτων σταδίων της ριζοβολίας σε καμία από τις δύο μελετώμενες ποικιλίες (Πίνακες 12, 14 και 16).

Συνεπώς, το υψηλό ποσοστό ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Arbequina’ δεν μπορεί να αποδοθεί στην αυξημένη μεταφορά σακχάρων στη ζώνη ριζοβολίας, σε αντίθεση με αυτό που έχει προταθεί από τους Husen και Pal (2007) στο φυτό *Tectora grandis* L.

Τα πρωτογενή φωτοσυνθετικά προϊόντα της ελιάς είναι η μαννιτόλη, η φρουκτόζη και η γλυκόζη, η οποία αποτελεί το πιο άφθονο διαλυτό σάκχαρο των φύλλων (Flora και Madore, 1993). Τα ώριμα φύλλα περιέχουν άμυλο και σάκχαρο, από τα οποία η σακχαρόζη, η ραφινόζη και η σταχυόζη παίζουν πρωτεύοντα ρόλο δεδομένου ότι αποτελούν τα κύρια μετακινούμενα σάκχαρα (Flora και Madore, 1993; Tattini et al., 1996). Επομένως, είναι πιθανό το καλοκαίρι στα μητρικά φυτά, τα παραπάνω σάκχαρα να μετακινηθούν από τα ώριμα φύλλα στους βλαστούς όπου μεταβολίζονται σε μονοσακχαρίτες, με αποτέλεσμα την αύξηση της συγκέντρωσης της φρουκτόζης και ιδιαίτερα της γλυκόζης (Flora και Madore, 1993; Sauter και van Cleve, 1994). Η αρχική συγκέντρωση του αμύλου, μειώθηκε το καλοκαίρι σε σχέση με αυτή της ανοίξεως, γεγονός που δείχνει την πιθανή υδρόλυσή του σε σάκχαρα που επίσης συμβάλλουν στην αυξημένη συγκέντρωση των διαλυτών σακχάρων το καλοκαίρι σε σχέση με την άνοιξη (Ashworth et al., 1993; Sauter και van Cleve, 1994; Husen και Pal, 2007).

Πολλοί ερευνητές έχουν τονίσει το σημαντικό ρόλο των διαλυτών σακχάρων κατά τα πρώτα στάδια της αποδιαφοροποίησης των κυττάρων και έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων, ωστόσο δεν έχει ακόμα διευκρινιστεί ο ιδιαίτερος ρόλος τους σε ολόκληρη τη διαδικασία της ριζογένεσης (del Rio et al., 1991; Hartmann et al., 2001; Ragonezi et al., 2010). Ο εφοδιασμός των μοσχευμάτων με υδατάνθρακες κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας μπορεί να ρυθμίζει τον αριθμό των ριζών και να υποστηρίζει τη μετέπειτα ανάπτυξή τους, ωστόσο δεν αποτελεί απαραίτητος και ένα μηχανισμό ελέγχου της ριζοβολίας (Ragonezi et al., 2010). Οι αρχικές συγκεντρώσεις των μεμονωμένων και των ολικών σακχάρων, ιδίως εκείνες της γλυκόζης και της μαννιτόλης, ήταν υψηλότερες στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ σε σύγκριση με της ‘Καλαμών’. Αυτό δείχνει ενδεχομένως ότι τα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ είχαν μεγαλύτερα ενεργειακά αποθέματα, τόσο αρχικά όσο και κατά τα πρώτα στάδια της ριζογένεσης, εξηγώντας μερικώς την καλύτερη ικανότητα ριζοβολίας αυτής της ποικιλίας σε σχέση με την ‘Καλαμών’. Ο Couvillon (1988) παρατήρησε ότι οι εύκολες στη ριζοβολία ποικιλίες χρυσάνθεμου είχαν

υψηλότερο επίπεδο υδατανθράκων σε σύγκριση με τις δύσκολες, αποτελέσματα που συμφωνούν με αυτά της παρούσας μελέτης.

Οι συγκεντρώσεις της μαννιτόλης, των ολικών διαλυτών σακχάρων και του αμύλου της ποικιλίας 'Arbequina' μειώθηκαν σημαντικά στην πορεία των 15 ημερών της ριζοβολίας και τις τρεις περιόδους (Σχεδ. 4στ-4η, 5στ-5η και 6στ-6η). Για το ίδιο χρονικό διάστημα, οι συγκεντρώσεις της σταχυόζης, της ραφινόζης και της γλυκόζης μειώθηκαν επίσης αλλά μόνο σε δύο από τις τρεις πειραματικές εποχές (καλοκαίρι και άνοιξη) (Σχεδ. 4α, 4β, 4δ, 6α, 6β και 6δ). Παρόμοιες μεταβολές στη συγκέντρωση των αναγωγικών και μη σακχάρων καθώς και στους υδρολυόμενους πολυσακχαρίτες κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας έχουν βρεθεί σε μοσχεύματα ελιάς από τους del Rio et al. (1991) και σε άλλα φυτικά είδη (mangrove species) από τους Basak et al. (1995). Επίσης, σε μοσχεύματα πεύκου *Pinus banksiana* κατά τη διάρκεια των πρώτων 18 ημερών της ριζοβολίας παρατηρήθηκε μείωση στη συγκέντρωση του αμύλου, ενώ η συγκέντρωση των διαλυτών σακχάρων παρέμεινε σχεδόν αμετάβλητη κατά τη διάρκεια αυτής της περιόδου (Haissig, 1989).

Σύμφωνα με τους Husen και Pal (2007), η μείωση των υδατανθράκων στη ζώνη ριζοβολίας των μοσχευμάτων δείχνει ότι τα σάκχαρα αυτά χρησιμοποιήθηκαν για την ανάπτυξη των ριζών. Οι αρχικά υψηλές συγκεντρώσεις και στη συνέχεια η μείωση της γλυκόζης και της μαννιτόλης στη βάση των μοσχευμάτων της 'Arbequina' στην πορεία των 15 ημερών της ριζοβολίας, υποδηλώνει μια επιλεκτική χρήση και έναν ιδιαίτερο ρόλο ως πηγή ενέργειας των παραπάνω σακχάρων στην έναρξη και στην πορεία της ριζογένεσης, όπως έχει προταθεί από τους Veierskov (1989) και Agulló-Antón et al. (2011). Αντίθετα, η συγκέντρωση του αμύλου και ο ρυθμός μείωσης της συγκέντρωσής του παρουσιάζεται χαμηλότερος σε σχέση με αυτόν των μεμονωμένων και ολικών διαλυτών σακχάρων. Επιπλέον, βρέθηκε και αρνητική συσχέτιση μεταξύ της αρχικής συγκέντρωσης του αμύλου αρχικά και της ριζοβολίας που αποτελεί ακόμη μία ένδειξη του μη σημαντικού ρόλου του αμύλου στην έναρξη του σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων στην ελιά. Τα αποτελέσματα αυτά δείχνουν ότι στην ελιά, τα μεμονωμένα διαλυτά σάκχαρα είναι πιο σημαντικά για την επαγωγή της ριζοβολίας σε σχέση με το άμυλο.

Παρόμοια αποτελέσματα έχουν αναφερθεί από τους del Rio et al. (1991) και τους Basak et al. (1995) που κατέληξαν στο συμπέρασμα ότι η έναρξη του σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων πραγματοποιείται κυρίως μέσω της

χρησιμοποίησης των διαλυτών σακχάρων και ότι η υδρολυτική δραστηριότητα και η αξιοποίηση των πολυσακχαριτών λαμβάνουν χώρα στα τελευταία στάδια της αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών. Ωστόσο, τα αποτελέσματα της παρούσας μελέτης είναι σε αντίθεση με εκείνα των Wiesman και Lavee (1995) και των Hartmann et al. (2001) που αναφέρουν ότι η κατανάλωση του αμύλου ή άλλων αποθηκευμένων υδατανθράκων αποτελεί την κύρια πηγή ενέργειας για τα μοσχεύματα και είναι πιο σημαντικά από τα διαλυτά σάκχαρα για την έναρξη της ριζογένεσης.



## 5. Συμπεράσματα

Για πρώτη φορά μελετήθηκε ο ρόλος των μεμονωμένων σακχάρων στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς, καθώς στις μέχρι τώρα μελέτες δινόταν έμφαση κυρίως στα αναγωγικά και στα ολικά σάκχαρα. Τα αποτελέσματα της παρούσας μελέτης δείχνουν ότι το IBA αυξάνει την ικανότητα ριζοβολίας στα μοσχεύματα της εύκολης προς ριζοβολία ποικιλίας ‘Arbequina’, αλλά είναι αναποτελεσματικό στην επαγωγή ριζογένεσης στη δύσκολη προς ριζοβολία ποικιλία ‘Καλαμών’. Το καλοκαίρι βρέθηκε να είναι η καλύτερη εποχή για τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ‘Arbequina’, περίοδος όπου παρατηρήθηκε η υψηλότερη συγκέντρωση ενδογενών διαλυτών σακχάρων, κυρίως της γλυκόζης και ταυτόχρονα η χαμηλότερη συγκέντρωση αμύλου.

Επίσης, τα αποτελέσματα της παρούσας μελέτης επιβεβαιώνουν προηγούμενες αναφορές ότι η διαθεσιμότητα των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων αποτελεί ένα σημαντικό παράγοντα στην έναρξη του σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων. Επιπλέον, τονίζεται ο ειδικός ρόλος των επιμέρους σακχάρων κυρίως της γλυκόζης ως πιθανής πηγής ενέργειας. Εν τούτοις, η πολύ χαμηλή ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ δε μπορεί να αποδοθεί μόνο στις χαμηλότερες συγκεντρώσεις των υδατανθράκων σε σύγκριση με τα μοσχεύματα της ‘Arbequina’. Συνεπώς, και άλλοι παράγοντες εκτός από το IBA και τους υδατάνθρακες από μόνοι τους ή σε συνδυασμό με τους υδατάνθρακες πιθανόν να ελέγχουν τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ‘Καλαμών’.

## 6. Βιβλιογραφία

- Agulló-Antón, M.Á., Sánchez-Bravo, J., Acosta, M., Druege, U., 2011. Auxins or sugars: what makes the difference in the adventitious rooting of stored carnation cuttings? *Journal of Plant Growth Regulation* 30, 100-113.
- Altman, A., Wareing, P.F., 1975. The effect of IAA on sugar accumulation and basipetal transport of <sup>14</sup>C-labelled assimilates in relation to root formation in *Phaseolus vulgaris* cuttings. *Physiologia Plantarum* 33, 32-38.
- Arnous, A., Makris, D.P., Kefalas, P., 2002. Correlation of pigment and flavanol content with antioxidant properties in selected aged regional wines from Greece. *Journal of Food Composition and Analysis* 15, 655-665.
- Ashworth, E.N., Stirm, V.E., Volenec, J.J., 1993. Seasonal variations in soluble sugars and starch within woody stems of *Cornus sericea* L. *Tree Physiology* 13, 379-388.
- Aslmoshtaghi, E., Shahsavari, A.R., 2010. Endogenous soluble sugars, starch contents and phenolic compounds in easy- and difficult-to-root olive cuttings. *Journal of Biological and Environmental Sciences* 49(11), 83-86.
- Avidan, B., Lavee, S., 1978. Physiological aspects of the rooting ability of olive cultivars. *Acta Horticulturae* 79, 93-101.
- Bamdad, F., Goli, A.H., Kadivar, M., 2006. Preparation and characterization of proteinous film from lentil (*Lens culinaris*) Edible film from lentil (*Lens culinaris*). *Food Research International* 39, 106-111.
- Basak, U.C., Das, A.B., Das, P., 1995. Metabolic changes during rooting in stem cuttings of five mangrove species. *Plant Growth Regulation* 17, 141-148.
- Bradford, M.M., 1976. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dyebinding. *Analytical Biochemistry* 72, 248-254.
- Couvillon, G.A., 1988. Rooting responses to different treatments. *Acta Horticulturae* 227, 187-196.
- Del Rio, C., Rallo, L., Caballero, J.M., 1991. Effects of carbohydrate content on the seasonal rooting of vegetative and reproductive cuttings of olive. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology* 66, 301-309.
- Fabbri, A., Bartolini, G., Lambardi, M., Kailis, S.G., 2004. Olive propagation manual. Landlinks Press, 150 Oxford Street, Collingwood VIC 3066, Australia.

- Flora, L.L., Madore, M.A., 1993. Stachyose and mannitol transport in Olive (*Olea europaea* L.). *Planta* 189, 484-490.
- Flurkey, H.W., Jen, J.J., 1978. Peroxidase and polyphenol oxidase activities in developing peaches. *Journal of Food Science* 43, 1826-1828.
- Hartmann, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T., Geneve, R.L., 2001. *Plant Propagation Principles and Practices*. 5<sup>th</sup> Edition, Prentice-Hall, New Jersey.
- Haissig, B.E., 1989. Carbohydrate relations during propagation of cuttings from sexually mature *Pinus banksiana* trees. *Tree Physiology* 5, 319-328.
- Husen, A., Pal, M., 2007. Metabolic changes during adventitious root primordium development in *Tectona grandis* Linn. F. (teak) cuttings as affected by age of donor plants and auxin (IBA and NAA) treatment. *New Forests* 33, 309-323.
- Kochhar, S., Singh, S.P., Kochhar, V.K., 2008. Effect of auxins and associated biochemical changes during clonal propagation of the biofuel plant-*Jatropha curcas*. *Biomass and Bioenergy* 32(12), 1136-1143.
- Leakey, R.R.B., Coutts, M.P., 1989. The dynamics of rooting in *Triplochiton scleroxylon* cuttings: their relation to leaf area, node position, dry weight accumulation, leaf water potential and carbohydrate composition. *Tree Physiology* 5, 135-146.
- Liu, Z.H., Hsiao, I.C., Pan, Y.W., 1996. Effect of naphthaleneacetic acid on endogenous indole-3-acetic acid, peroxidase and auxin oxidase in hypocotyl cuttings of soybean during root formation. *Botanical Bulletin-Academia Sinica* 37(4), 247-253.
- Nanda, K.K., Jain, M.K., Malhotra, S., 1971. Effect of glucose and auxins in rooting etiolated stem segments of *Populus nigra*. *Physiologia Plantarum* 24, 387-391.
- Negash, L., 2003. Vegetative propagation of the threatened African wild olive [*Olea europaea* L. subsp. *cuspidata* (Wall. ex DC.) Ciffieri]. *New Forests* 26, 137-146.
- Pedrol, N., Tiburcio, A., 2001. Polyamines determination by TLC and HPLC, in: Reigosa Roger, M.J. (Ed.), *Handbook of plant ecophysiology techniques*. Kluwer Academic Publishers, Netherlands, pp. 335-363.
- Ragonezi, C., Klimaszewska, K., Castro, M.R., Lima, M., de Oliveira, P., Zavattieri, M.A., 2010. Adventitious rooting of conifers: influence of physical and chemical factors. *Trees* 24, 975-992.

- Reuveni, O., Raviv, M., 1980. Importance of leaf retention to rooting of avocado cuttings. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 106(2), 127-130.
- Roussos, P., Pontikis, C.A., 2001. Phenolic compounds in olive explants and their contribution to browning during the establishment stage *in vitro*. *Gartenbauwissenschaft* 66, 298-303.
- Roussos, P., Denaxa, N.-K., Damvakaris, T., Stournaras, V., Argyrokastritis, I., 2010. Effect of alleviating products with different mode of action on physiology and yield of olive under drought. *Scientia Horticulturae* 125, 700-711.
- Sauter, J.J., van Cleve, B., 1994. Storage, mobilization and interrelations of starch, sugars, protein and fat in the ray storage tissue of poplar trees. *Trees* 8, 297-304.
- Sivaci, A., 2006. Seasonal changes of total carbohydrate contents in three varieties of apple (*Malus sylvestris* Miller) stem cuttings. *Scientia Horticulturae* 109, 234-237.
- Tattini, M., Gucci, R., Romani, A., Baldi, A., Everard, J.D., 1996. Changes in non-structural carbohydrates in olive (*Olea europaea*) leaves during root zone salinity stress. *Physiologia Plantarum* 98, 117-124.
- Tsipouridis, C., Thomidis, T., Bladenopoulou, S., 2006. Rhizogenesis of ‘GF677’, Early Crest, May Crest and Arm King stem cuttings during the year in relation to carbohydrate and natural hormone content. *Scientia Horticulturae* 108, 200-204.
- Veierskov, B., 1989. Relations between carbohydrates and adventitious root formation, in: Davis, T.D., Haissig, B.E, Sankhla, N. (Eds.), *Adventitious root formation in cuttings*. Dioscorides Press, Portland, OR, pp. 70-78.
- Vemmos, S.N., 1999. Carbohydrate content of inflorescent buds of defruited and fruiting pistachio (*Pistachia vera* L) branches in relation to biennial bearing. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology* 74, 94-100.
- Wiesman Z., Lavee, S., 1995. Relationship of carbohydrate sources and indole-3-butyric acid in olive cuttings. *Australian Journal of Plant Physiology* 22, 811-816.
- Yoo, Y.K., Kim, K.S., 1996. Seasonal variation in rooting ability, plant hormones, carbohydrate, nitrogen, starch and soluble sugar contents in cuttings of White Forsythia (*Abeliophyllum distichum* Nakai). *Journal of Korean Society for Horticultural Science* 37(4), 554-560.



# 2

## Ο ρόλος των πολυαμινών στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς

### Περίληψη

Σκοπός του παρόντος κεφαλαίου ήταν η διερεύνηση του ρόλου των ενδογενών πολυαμινών στην ικανότητα ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς. Πραγματοποιήθηκε ανάλυση των ενδογενών πολυαμινών (πριν και κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας) και τα αποτελέσματα συσχετίστηκαν με αυτά της ριζοβολίας των μοσχευμάτων. Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι η ποικιλία 'Arbequina' παρουσίασε υψηλότερη αρχική συγκέντρωση ελεύθερων και ολικών πολυαμινών σε σχέση με την 'Καλαμών'. Η ολική σπερμιδίνη ήταν η κυρίαρχη πολυαμίνη που παρατηρήθηκε και στις δύο ποικιλίες. Πολύ χαμηλή συγκέντρωση ελεύθερης πουτρεσκίνης και σπερμιδίνης βρέθηκε και στις δύο ποικιλίες, ενώ η ελεύθερη σπερμίνη ανιχνευόταν περιστασιακά. Τόσο η 'Arbequina' όσο και η 'Καλαμών' παρουσίασαν την υψηλότερη συγκέντρωση ελεύθερης πουτρεσκίνης και σπερμιδίνης το καλοκαίρι με την ελεύθερη πουτρεσκίνη να είναι η κυρίαρχη πολυαμίνη μεταξύ των ελεύθερων πολυαμινών. Η 'Arbequina' είχε την υψηλότερη συγκέντρωση ολικών πολυαμινών την άνοιξη, ενώ η 'Καλαμών' το καλοκαίρι. Επίσης, παρατηρήθηκαν μεταβολές στη συγκέντρωση των ενδογενών πολυαμινών κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας, με τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' να παρουσιάζουν υψηλότερες συγκεντρώσεις ολικών πολυαμινών σε σχέση με την 'Καλαμών' στην πορεία των 15 ημερών της ριζοβολίας.

Στην ποικιλία 'Arbequina', παρατηρήθηκε θετική συσχέτιση μεταξύ των αρχικών συγκεντρώσεων της ελεύθερης πουτρεσκίνης και σπερμιδίνης και της ριζοβολίας των μοσχευμάτων, ενώ δε βρέθηκε συσχέτιση μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και της αρχικής συγκέντρωσης των ολικών πολυαμινών στα μοσχεύματα της ίδιας ποικιλίας. Αντίθετα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' δεν διαπιστώθηκε η ύπαρξη συσχέτισης μεταξύ της ριζοβολίας και των αρχικών

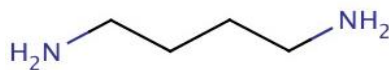
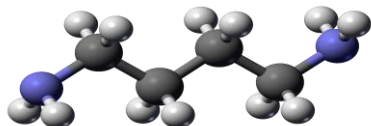
συγκεντρώσεων των ελεύθερων και των ολικών πολυαμινών, με εξαίρεση την ολική πουτρεσκίνη που συσχετίστηκε αρνητικά με τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της παραπάνω ποικιλίας. Από τα παραπάνω συμπεραίνεται ότι οι πολυαμίνες και ιδίως στην ελεύθερή τους μορφή εμπλέκονται στη διαδικασία της ριζοβολίας στα μοσχεύματα της ελιάς.

## 1. Εισαγωγή

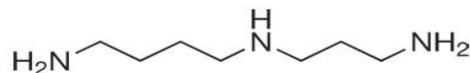
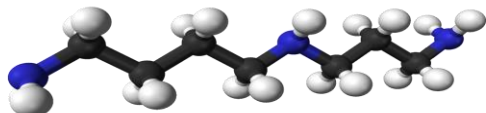
Οι πολυαμίνες αποτελούν μια νεότερη κατηγορία ενώσεων που θεωρούνται ως πιθανοί ρυθμιστές της ανάπτυξης των φυτών (Geny et al., 1997; El-Quesni et al., 2007) συμμετέχοντας σε μια σειρά διεργασιών όπως η κυτταρική διαίρεση, ο πολλαπλασιασμός, η μορφογένεση, η σωματική εμβρυογένεση, η ανάπτυξη των φυτών, η γήρανση και η αντίδραση στην έλλειψη νερού (υδατική καταπόνηση) (Neves et al., 2002; Tang και Newton, 2005; Cvikroná et al., 2008; Kusano et al., 2008; Mendes et al., 2011). Πρόκειται για βιολογικά ενεργές, αλειφατικές, μικρού μοριακού βάρους, κατιονικές, αζωτούχες ενώσεις με περισσότερο χαρακτηριστικές τη διαμίνη πουτρεσκίνη (Put), την τριαμίνη σπερμιδίνη (Spd) και την τετραμίνη σπερμίνη (Spm) (Σχήμα 1) (Rugini et al., 1997; Talaat και Balbaa, 2010). Απαντώνται σχεδόν σε όλα τα ανώτερα φυτά και οργανισμούς που έχουν μελετηθεί (Neves et al., 2002) είτε σε ελεύθερη μορφή, (F-PAs) είτε ως συζευγμένες με ενώσεις χαμηλού μοριακού βάρους (SB-PAs) ή συζευγμένες με διάφορα μακρομόρια (πρωτεΐνες και νουκλεϊκά οξέα) (IB-PAs) (Geny et al., 1997; Martin-Tanguy, 1997; Fontaniella et al., 2001; Neves et al., 2002).

Ο ρόλος των πολυαμινών στη ριζοβολία των μοσχευμάτων εντοπίζεται κυρίως στη φάση της διαίρεσης και διαφοροποίησης των κυττάρων κατά τη ριζογένεση (Sankhla και Upadhyaya, 1989; Rugini et al., 1997). Ο ρόλος τους αυτός στη ριζοβολία έχει αποδοθεί και συνδέεται άμεσα με τις βιολογικές τους λειτουργίες που επιδρούν στη σύνθεση των μακρομορίων, στη δομή και λειτουργία των νουκλεϊκών οξέων καθώς και στη μεταβολή της ενεργότητας αρκετών ενζύμων που σχετίζονται με τη ριζογένεση (Sankhla και Upadhyaya, 1989). Επίσης, οι πολυαμίνες επηρεάζουν τη μεταγραφή και μετάφραση των πρωτεϊνών και σταθεροποιούν τις μεμβράνες των κυττάρων προκαλώντας αλλαγές στη διαπερατότητά τους, αμφότερες διαδικασίες οι οποίες είναι απαραίτητες στο σχηματισμό των τυχαίων ριζών (Sankhla και Upadhyaya, 1989; Talaat και Balbaa, 2010). Τέλος, οι πολυαμίνες μπορούν να αποτελέσουν πηγή αζώτου ή να δράσουν συνεργιστικά στα επίπεδα του αζώτου, μιας και ως αζωτούχες ενώσεις μετά την ενζυμική τους οξείδωση απελευθερώνουν αμμωνιακά ιόντα ( $\text{NH}_4^+$ ) (Sankhla και Upadhyaya, 1989).

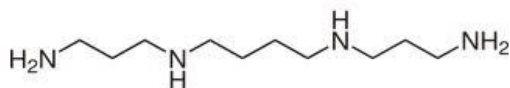




α. Πουτρεσκίνη



β. Σπερμιδίνη



γ. Σπερμίνη

**Σχήμα 1.** Δομή των πολυαμινών: α) πουτρεσκίνη, β) σπερμιδίνη και γ) σπερμίνη.

Μεταξύ των διαφόρων παραγόντων που μπορούν να επηρεάσουν την επαγωγή της ριζοβολίας, σημαντικό ρόλο φαίνεται να διαδραματίζει η συγκέντρωση των ενδογενών πολυαμινών (Rugini et al., 1993; Sankhla και Upadhyaya, 1989). Ειδικότερα έχει παρατηρηθεί ότι τα μοσχεύματα με αυξημένο το ενδογενές επίπεδο των πολυαμινών ριζοβολούν καλύτερα (Rugini et al., 1993). Κατά τους Bagni και Tassoni (2001) μόνο οι ελεύθερες πολυαμίνες μπορούν να διακινηθούν, ενώ οι συζευγμένες φαίνεται να μην έχουν καμία επίδραση στην κυτταρική διαίρεση. Αντίθετα, οι Geny et al. (1997) αναφέρουν ότι και οι συζευγμένες πολυαμίνες παίζουν ρυθμιστικό ρόλο στην κυτταρική διαίρεση. Επιπλέον, οι συζευγμένες πολυαμίνες μπορούν να δράσουν ως υποστρώματα ή ως πρόδρομες ουσίες των αντιδράσεων του δευτερογενούς μεταβολισμού ή να αποτελούν δεξαμενές αζώτου (Neves et al., 2002).

Ορισμένοι ερευνητές αναφέρουν ότι λαμβάνει χώρα αφομοίωση πολυαμινών κατά τα πρώτα στάδια της ριζογένεσης σε διάφορα ξυλώδη είδη όπως *Prunus avium*, *Populus* spp., *Pyrus* spp. και *Juglans regia*, γεγονός που υποδηλώνει ότι οι πολυαμίνες θα μπορούσαν να χρησιμοποιηθούν ως δείκτες ριζοβολίας (Neves et al., 2002; Naija et al., 2009). Σε γενικές γραμμές, παρατηρείται αυξημένη συγκέντρωση πολυαμινών στους μεριστωματικούς και στους αυξανόμενους ιστούς και χαμηλότερη στους γερασμένους ιστούς (Fontaniella et al., 2001; Neves et al., 2002). Υπάρχουν σαφείς ενδείξεις από *in situ* μελέτες ότι η αυξημένη σύνθεση των πολυαμινών σχετίζεται με την αυξημένη μεριστωματική δραστηριότητα και το σχηματισμό πλάγιων ριζών (Li et al., 2009). Επίσης, σύμφωνα με τους Uribe et al. (2008) η συγκέντρωση της πουτρεσκίνης αυξήθηκε κατά τη φάση έναρξης της ριζογένεσης, ενώ οι συγκεντρώσεις της σπερμίνης και της σπερμιδίνης δεν μεταβλήθηκαν.

Η πουτρεσκίνη συμμετέχει στην έναρξη της διαφοροποίησης των ριζικών αρχηγόνων, αλλά από μόνη της εμφανίζεται να είναι αναποτελεσματική στην επαγωγή σχηματισμού ριζών (Li et al., 2009). Σε ορισμένες περιπτώσεις, ωστόσο, η μείωση στη συγκέντρωση των πολυαμινών, ιδιαιτέρως της πουτρεσκίνης, οδήγησε σε αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας. Η αυξημένη συσσώρευση πουτρεσκίνης, που προκύπτει από την παρεμπόδιση της μετατροπής της σε σπερμιδίνη από την κυκλοεξυλαμίνη (cyclohexylamine-CHA), η οποία είναι αναστολέας της συνθέσεως της σπερμιδίνης, ενόησε τη ριζοβολία στις λεύκες ακόμα και υπό συνθήκες απουσίας αυξίνης (Hausman et al., 1997; Neves et al., 2002; Li et al., 2009).

Σκοπός της εργασίας στο παρόν κεφάλαιο ήταν να μελετήσουμε: α) την επίδραση των ενδογενών πολυαμινών στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς, β) τις μεταβολές των συγκεντρώσεων των πολυαμινών στα πρώτα στάδια της ριζογένεσης στην ελιά και γ) να διερευνήσουμε την ύπαρξη ή μη συσχέτισης μεταξύ των μετρούμενων συγκεντρώσεων των πολυαμινών και του ποσοστού ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς.

## 2. Υλικά και μέθοδοι

### 2.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και δειγματοληψία μοσχευμάτων για τη μέτρηση των πολυαμινών

Τα πειράματα διεξήχθησαν όπως περιγράφονται στο Κεφάλαιο 1 (Μέρος Δεύτερο). Από τα μοσχεύματα που εγκαταστάθηκαν στη μονάδα της υδρονέφωσης έγινε δειγματοληψία στις μηδέν, μία, τρεις, πέντε, επτά και δεκαπέντε ημέρες μετά τη φύτευση με στόχο να μελετήσουμε την αρχική συγκέντρωση των πολυαμινών και τις μεταβολές αυτών στη βάση των μοσχευμάτων κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας. Οι δειγματοληψίες διενεργήθηκαν όπως περιγράφονται στο Κεφάλαιο 1 (Μέρος Δεύτερο).

### 2.2 Εκχύλιση και ανάλυση των πολυαμινών

A. Ο προσδιορισμός των ολικών πολυαμινών έγινε σύμφωνα με τη μέθοδο που περιγράφεται από τους Pedrol και Tiburcio (2001).

- Ζυγίζονται 200 mg ξηρής ουσίας από κάθε δείγμα (χρήση ζυγού ακριβείας, KERN 410).
- Προστίθενται 2 mL κρύο υπερχλωρικό οξύ 5% ο/ο το οποίο περιλαμβάνει 50 mg L<sup>-1</sup> 1,6 hexanediamine ως εσωτερικό standard.
- Καλή ανάδευση του δείγματος και παραμονή του αιωρήματος για 12 h σε ηρεμία στους 4 °C.
- Φυγοκέντρωση για 10 min στα 4000 rpm.
- Απομακρύνεται το υπερκείμενο και φυλάσσεται στους 4 °C.
- Στο στερεό υπόλειμμα προστίθενται 2 mL NaOH 1 N.
- Ανάδευση του δείγματος και τοποθέτηση σε θερμοκρασία 4 °C για 30 min.
- Σε 0,5 mL υπερκείμενου στο οποίο περιέχονται οι ελεύθερες πολυαμίνες (ήταν τοποθετημένο στους 4 °C), προστίθενται 0,5 mL εναιώρημα του ιζήματος και 1 mL HCl 12 N.
- Το δείγμα παραμένει για 18 h στους 110 °C εντός κλειστών φιαλιδίων.
- Ξήρανση του δείγματος στους 70 °C.
- Στο ξηρό στερεό υπόλειμμα προστίθενται 1 mL υπερχλωρικό οξύ 5%.
- Σε 0,5 mL υπερκείμενου προστίθεται 1 mL Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub> (21 g 100 mL<sup>-1</sup>) και 1 mL dancyl chloride (7,5 mg mL<sup>-1</sup> ακετόνης) και ακολουθεί παραμονή του δείγματος για 1 h σε ηρεμία στους 60 °C στο σκοτάδι.

- Προστίθενται 0,25 mL προλίνης (100 mg mL<sup>-1</sup>).
- Παραμονή των δειγμάτων σε θερμοκρασία δωματίου για 15 min στο σκοτάδι.
- Προστίθενται 2 mL τολουένιο και ακολουθεί καλή ανάδευση για 30 sec.
- Συλλέγεται η υπερκείμενη φάση του τολουενίου.
- Εξάτμιση του τολουενίου με τη χρήση ροής N<sub>2</sub>.
- Στο στερεό υπόλειμμα προστίθενται 0,5 mL μεθανόλης HPLC.
- Φιλτράρισμα με φίλτρο σύριγγας διαμέτρου πόρων 0,20 μm.
- Ανάλυση των πολυαμινών με τη μέθοδο της υγρής χρωματογραφίας.

B. Ο προσδιορισμός των ελεύθερων πολυαμινών έγινε σύμφωνα με τη μέθοδο που περιγράφεται από τους Pedrol και Tiburcio (2001).

- Σε 1 mL από το υπερκείμενο που φυλάσσεται στους 4 °C προστίθεται 1 mL Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub> (21 g 100 mL<sup>-1</sup>) και 1 mL dancyl chloride (7,5 mg mL<sup>-1</sup> ακετόνης) και ακολουθεί ανάδευση.
- Παραμονή του δείγματος για 1 h σε ηρεμία στους 60 °C στο σκοτάδι.
- Προστίθενται 0,6 mL προλίνης (100 mg mL<sup>-1</sup>).
- Παραμονή των δειγμάτων σε θερμοκρασία δωματίου για 15 min στο σκοτάδι.
- Προστίθενται 3 mL τολουένιο.
- Καλή ανάδευση για 30 sec.
- Συλλέγεται η υπερκείμενη φάση του τολουενίου.
- Εξάτμιση του τολουενίου με τη χρήση ροής N<sub>2</sub>.
- Στο στερεό υπόλειμμα προστίθενται 0,5 mL μεθανόλης HPLC.
- Φιλτράρισμα με φίλτρο σύριγγας διαμέτρου πόρων 0,20 μm.
- Ανάλυση των πολυαμινών ουσιών με τη μέθοδο της υγρής χρωματογραφίας.

Η ανάλυση των δειγμάτων των ελεύθερων και των ολικών πολυαμινών έγινε με τη χρήση αντλίας HPLC (HP 1050) με FLD ανιχνευτή και σε στήλη Luna C18(2) (3U, 100A, 250 x 4,6 mm, 3 μm). Η κινητή φάση περιείχε ακετονιτρίλιο και νερό σε αναλογία 78:22. Ο διαχωρισμός έγινε σε θερμοκρασία δωματίου (περίπου 20-21 °C). Για τον καλύτερο διαχωρισμό των ουσιών χρησιμοποιήθηκε πρόγραμμα μεταβλητής ροής της κινητής φάσης και του μήκους κύματος του ανιχνευτή (Πίνακες 17 και 18).

Με την παραπάνω μέθοδο προσδιορίστηκαν οι εξής πολυαμίνες: η ολική πουτρεσκίνη (Put), η ολική σπερμιδίνη (Spd), η ολική σπερμίνη (Spm), η ελεύθερη

πουτρεσκίνη (f Put) και η ελεύθερη σπερμιδίνη (f Spd). Η ολική συγκέντρωση των πολυαμινών (Total PAs) υπολογίστηκε ως το άθροισμα των συγκεντρώσεων των επιμέρους ολικών πολυαμινών. Οι τελικές συγκεντρώσεις των πολυαμινών εκφράστηκαν σε  $\text{mg g}^{-1}$  d.w.

**Πίνακας 17.** Μεταβολή της ροής της κινητής φάσης για το διαχωρισμό των πολυαμινών με τη χρήση της HPLC.

Χρόνος (min)	Ροή κινητής φάσης ( $\text{mL min}^{-1}$ )
0-10	0,8
12-32	1,3

**Πίνακας 18.** Πρόγραμμα μεταβολής του μήκους κύματος του ανιχνευτή κατά την ανάλυση των πολυαμινών με τη χρήση της HPLC.

Χρόνος (min)	Μήκος κύματος ανιχνευτή (nm)	
	λεμ	λεx
0	510	365
20	510	341

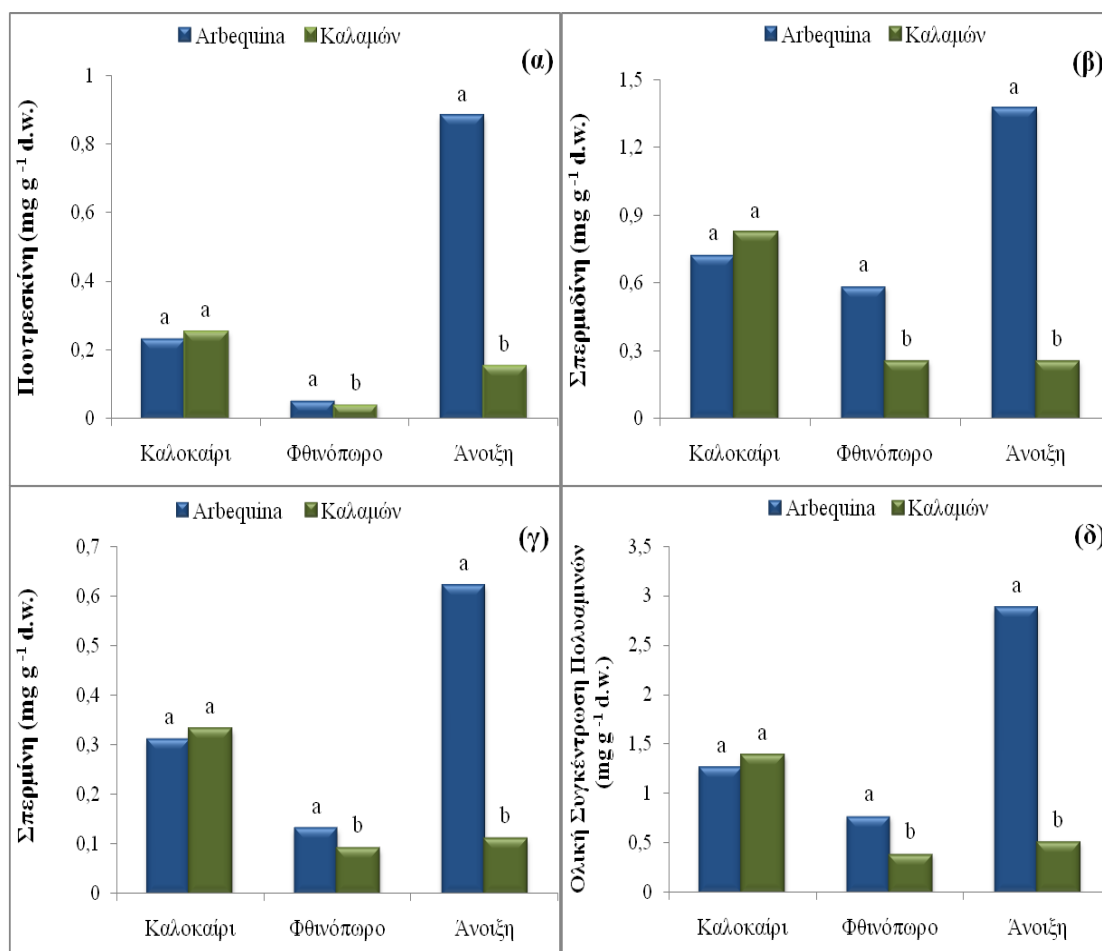
### 2.3 Στατιστική ανάλυση

Η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων έγινε με το στατιστικό πακέτο JMP 7 για τα Windows. Η ανάλυση που ακολουθήθηκε ήταν ανάλυση διασποράς για το παραγοντικό μέρος του πειράματος (Multi Factor ANOVA) με παράγοντες τις ημέρες μετά τη φύτευση (0, 1, 3, 5, 7 και 15 ημέρες), την ποικιλία ('Arbequina' και 'Καλαμών') και την ορμονική επέμβαση (IBA 2000  $\text{mg L}^{-1}$  και μάρτυρας). Οι σημαντικές διαφορές βρέθηκαν χρησιμοποιώντας το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία του Tukey's HSD, σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$ . Επίσης, πραγματοποιήθηκε γραμμική συσχέτιση για τη διερεύνηση της ύπαρξης σημαντικής συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων και των μετρούμενων παραμέτρων (ελεύθερες και ολικές πολυαμίνες). Τα αποτελέσματα παρουσιάζονται και περιγράφονται αναλυτικά σε πίνακες και σχεδιαγράμματα.

### 3. Αποτελέσματα

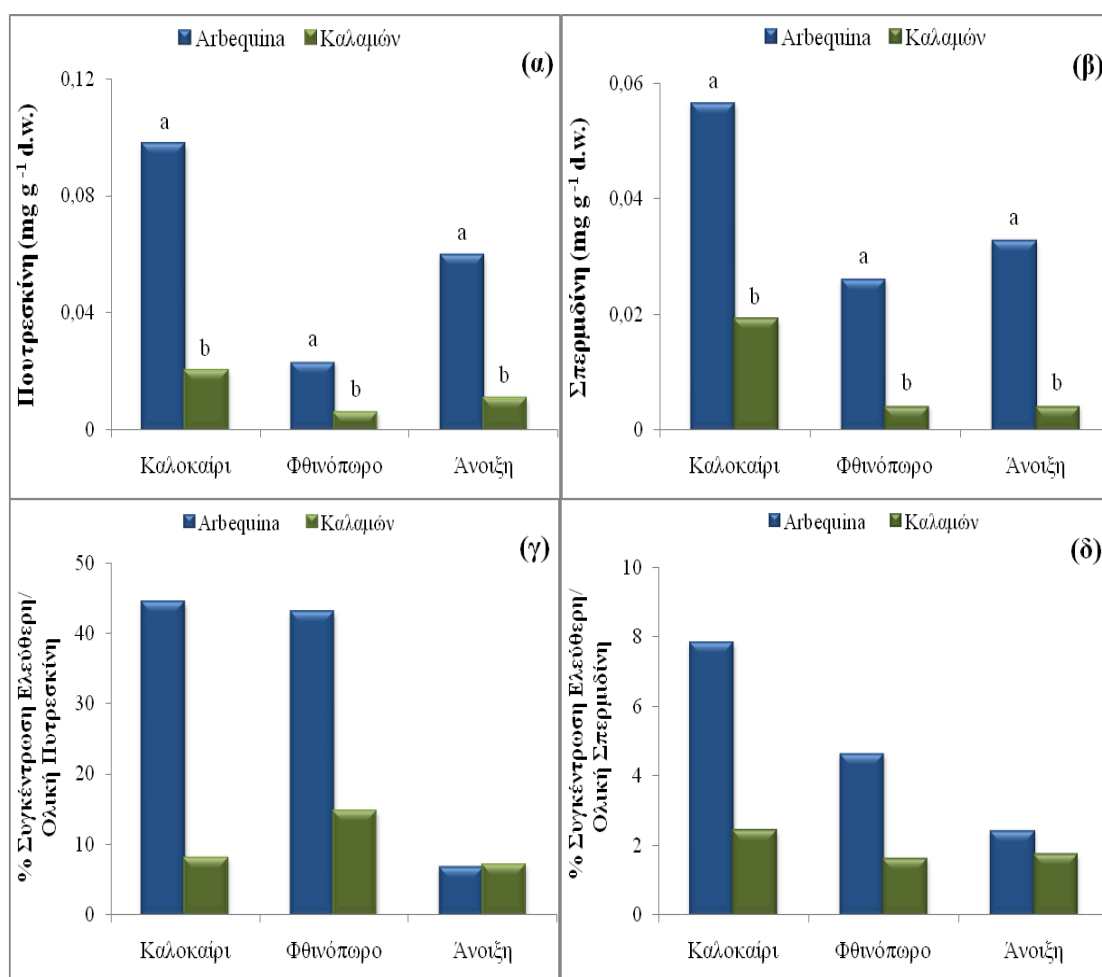
#### 3.1 Αρχική συγκέντρωση πολυαμινών

Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν υψηλότερη αρχική συγκέντρωση ολικής πουτρεσκίνης, ολικής σπερμιδίνης, ολικής σπερμίνης και ολική συγκέντρωση πολυαμινών (Σχεδ. 7α-7δ) κατά τις δύο εποχές του πειράματος (φθινόπωρο και άνοιξη). Αντίθετα το καλοκαίρι δε βρέθηκαν σημαντικές διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών σε καμία από τις συγκεντρώσεις των μετρούμενων ολικών πολυαμινών. Αναφορικά με την εποχή, βρέθηκε ότι η ποικιλία ‘Arbequina’ είχε τις υψηλότερες συγκεντρώσεις ολικών πολυαμινών την άνοιξη, ενώ η ποικιλία ‘Καλαμών’ το καλοκαίρι. Τέλος, μεταξύ των μετρούμενων πολυαμινών κυρίαρχη εμφανίζεται να είναι η ολική σπερμιδίνη και για τις δύο ποικιλίες.



**Σχεδιάγραμμα 7.** Αρχική συγκέντρωση ολικών πολυαμινών (α-δ) κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Τόσο στην ποικιλία 'Arbequina' όσο και στην ποικιλία 'Καλαμών' βρέθηκαν μικρές αρχικές συγκεντρώσεις ελεύθερης πουτρεσκίνης (Σχεδ. 8α). Η ελεύθερη σπερμιδίνη ήταν επίσης σε χαμηλή συγκέντρωση (Σχεδ. 8β), ενώ η ελεύθερη σπερμίνη ανιχνεύονταν περιστασιακά και για το λόγο αυτό τα αποτελέσματα δεν παρουσιάζονται. Η συγκέντρωση της ελεύθερης πουτρεσκίνης και της σπερμιδίνης ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' συγκριτικά με αυτά της 'Καλαμών' (Σχεδ. 8α και 8β). Μεταξύ των μετρούμενων ελεύθερων πολυαμινών κυρίαρχη εμφανίζεται να είναι η πουτρεσκίνη και για τις δύο ποικιλίες. Αναφορικά με την εποχή, βρέθηκε ότι και οι δύο ποικιλίες παρουσίασαν τις υψηλότερες συγκεντρώσεις ελεύθερων πολυαμινών το καλοκαίρι.



**Σχεδιάγραμμα 8.** Αρχική συγκέντρωση ελεύθερων πολυαμινών (α-β) και % συγκέντρωση ελεύθερων/ολικών πολυαμινών (γ-δ) κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ η ελεύθερη πουτρεσκίνη αντιστοιχούσε στο 40-45% της ολικής μετρούμενης πουτρεσκίνης με εξαίρεση όμως την περίοδο της ανοίξεως όπου το ποσοστό αυτό ισοδυναμούσε με το 7% της ολικής πουτρεσκίνης (Σχεδ. 8γ). Όσον αφορά τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ το ποσοστό αυτό ήταν αρκετά μικρό και αποτελούσε το 7-15% της ολικής μετρούμενης πουτρεσκίνης. Η συγκέντρωση της ελεύθερης σπερμιδίνης στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ ήταν το 5-8% της ολικής σπερμιδίνης με εξαίρεση την άνοιξη όπου το ποσοστό αυτό ήταν περίπου 2,5% (Σχεδ. 8δ). Τέλος, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ η συγκέντρωση της ελεύθερης σπερμιδίνης ήταν πάρα πολύ χαμηλή και ισοδυναμούσε με το 2% της ολικής σπερμιδίνης. Επίσης, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ μόνο το 4% της αρχικής συγκέντρωσης των ολικών πολυαμινών ήταν σε ελεύθερη μορφή, εν αντιθέσει με την ποικιλία ‘Arbequina’ όπου το ποσοστό των ελεύθερων πολυαμινών αντιστοιχούσε στο 12% των ολικών πολυαμινών.

Επίσης, παρατηρήθηκε θετική συσχέτιση μεταξύ των αρχικών συγκεντρώσεων της ελεύθερης πουτρεσκίνης και σπερμιδίνης και της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ (Πίνακας 19). Αντίθετα, δε βρέθηκε συσχέτιση μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και της αρχικής συγκέντρωσης των ολικών πολυαμινών στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ (Πίνακας 19). Όσον αφορά τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ δεν διαπιστώθηκε η ύπαρξη συσχέτισης μεταξύ της ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ελεύθερων και των ολικών πολυαμινών (Πίνακας 20). Εξαίρεση αποτελεί η πουτρεσκίνη η οποία συσχετίστηκε αρνητικά με τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (Πίνακας 20).

**Πίνακας 19.** Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ελεύθερων και των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010).

	<b>P value</b>	<b>r</b>	<b>r<sup>2</sup></b>	<b>Εξίσωση συσχέτισης</b>
f Put	**	0,80	64	$R_t = 24,77 + 440,40 \times f \text{ Put}$
f Spd	**	0,87	75	$R_t = -5,82 + 1338,69 \times f \text{ Spd}$
Put	ns	-0,45	20	$R_t = 46,07 - 17,55 \times \text{Put}$
Spd	ns	-0,53	28	$R_t = 51,50 - 10,95 \times \text{Spd}$
Spm	ns	-0,27	7	$R_t = 45,38 - 17,19 \times \text{Spm}$
Total PAs	ns	-0,47	22	$R_t = 49,06 - 5,26 \times \text{Total PAs}$

Επεξηγήσεις:  $R_t$ , ποσοστό ριζοβολία – P, πιθανότητα – r, συντελεστής συσχέτισης των συντελεστών – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.



**Πίνακας 20.** Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ελεύθερων και των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010).

	<b>P value</b>	<b>r</b>	<b>r<sup>2</sup></b>	<b>Εξίσωση συσχέτισης</b>
f Put	ns	-0,23	5	$R_t = 2,62 - 69,77 \times f \text{ Put}$
f Spd	ns	-0,48	23	$R_t = 2,25 - 62,74 \times f \text{ Spd}$
Put	**	-0,83	69	$R_t = 2,89 - 8,28 \times \text{Put}$
Spd	ns	-0,43	19	$R_t = 2,21 - 1,15 \times \text{Spd}$
Spm	ns	-0,50	25	$R_t = 2,30 - 3,42 \times \text{Spm}$
Total PAs	ns	-0,52	27	$R_t = 2,35 - 0,86 \times \text{Total PAs}$

Επεξηγήσεις:  $R_t$ , ποσοστό ριζοβολία – P, πιθανότητα – r, συντελεστής συσχέτισης των συντελεστών – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

### 3.2 Συγκέντρωση ολικών πολυαμινών στην πορεία της ριζοβολίας

#### 3.2.1 Καλοκαίρι

Σύμφωνα με τον πίνακα 21, η ποικιλία και οι ημέρες μετά τη φύτευση (ΗΜΦ) επηρέασαν σημαντικά τις συγκεντρώσεις της ολικής πουτρεσκίνης, ολικής σπερμιδίνης, ολικής σπερμίνης και τη συνολική συγκέντρωση των πολυαμινών (Total PAs). Αντίθετα, η επέμβαση με αυξίνη δεν επέδρασε σημαντικά. Οι αλληλεπιδράσεις φαίνεται να ασκούν σημαντική επίδραση επί των συγκεντρώσεων των διαφόρων μετρούμενων πολυαμινών. Εξαιρέση αποτελούν οι αλληλεπιδράσεις μεταξύ ποικιλίας και επεμβάσεων για τη συγκέντρωση της ολικής σπερμιδίνης και τη συνολική συγκέντρωση των πολυαμινών, καθώς και η αλληλεπίδραση μεταξύ των επεμβάσεων και ΗΜΦ για τη συγκέντρωση της ολικής σπερμιδίνης.

**Πίνακας 21.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

<b>Συγκέντρωση Ολικών Πολυαμινών (<math>\text{mg g}^{-1}</math> ξηρού βάρους)</b>				
	<b>Put</b>	<b>Spd</b>	<b>Spm</b>	<b>Total PAs</b>
<b>Ποικιλία</b>	***	***	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	ns	ns	ns	ns
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	***	ns	*	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	***	ns	*	*
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	**	**	**	**

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Στον πίνακα 22 παρατηρούμε ότι η ποικιλία ‘Arbequina’ είχε υψηλότερη συγκέντρωση ολικής πουτρεσκίνης, σπερμιδίνης, σπερμίνης και επομένως ολική συγκέντρωση πολυαμινών. Επιπλέον, 7 ΗΜΦ καταγράφηκαν οι υψηλότερες συγκεντρώσεις ολικών πολυαμινών που στη συνέχεια μειώθηκαν δραστικά. Αντίθετα, η επέμβαση με IBA δε φαίνεται να άσκησε καμία επίδραση επί των συγκεντρώσεων των πολυαμινών.

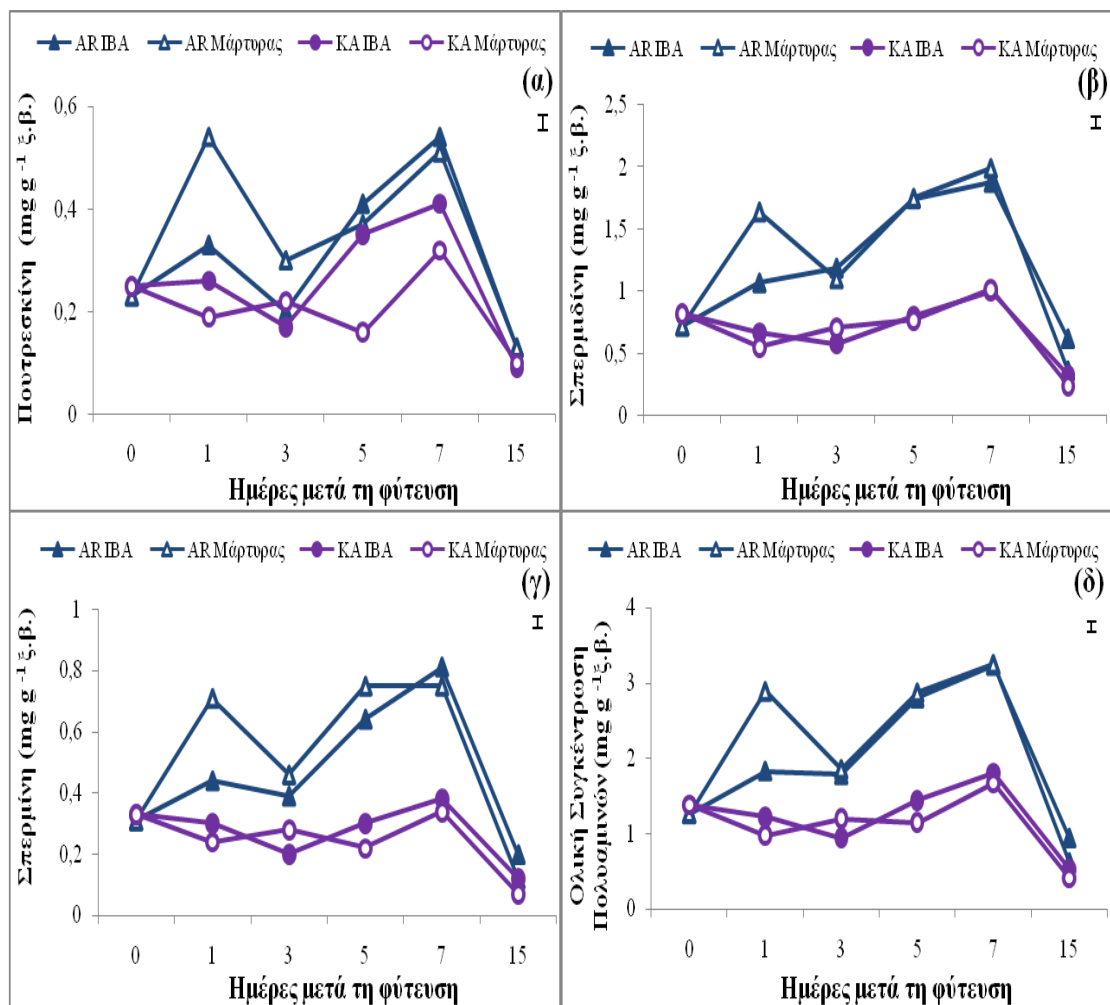
Σύμφωνα με το σχεδιάγραμμα 9(α-δ), κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας παρατηρήθηκαν ορισμένες αυξομειώσεις στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών που τελικά οδήγησαν σε σημαντική μείωση των συγκεντρώσεων αυτών 15 ΗΜΦ. Γενικά παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν υψηλότερη συγκέντρωση ολικών μεμονωμένων πολυαμινών καθώς και ολική συγκέντρωση πολυαμινών στο μεγαλύτερο διάστημα της ριζοβολίας ανεξαρτήτου επέμβασης.

**Πίνακας 22.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

Παράμετρος	Συγκέντρωση Ολικών Πολυαμινών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)			
	Put	Spd	Spm	Total PAs
<b>Ποικιλία</b>				
Arbequina	0,32a	1,23a	0,49a	2,05a
Καλαμών	0,23b	0,69b	0,26b	1,18b
<b>Επεμβάσεις</b>				
Μάρτυρας	0,27a	0,97a	0,38a	1,63a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	0,28a	0,95a	0,37a	1,60a
<b>Ημέρες</b>				
0	0,24c	0,77d	0,32c	1,32d
1	0,33b	0,98c	0,42b	1,73c
3	0,22c	0,90cd	0,33c	1,44cd
5	0,32b	1,27b	0,48b	2,07b
7	0,44a	1,47a	0,57a	2,49a
15	0,11d	0,39e	0,13d	0,62e

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Πιο αναλυτικά, για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαμε σημαντική αύξηση στη συγκέντρωση της ολικής πουτρεσκίνης, ολικής σπερμιδίνης, ολικής σπερμίνης και της ολικής συγκέντρωσης των πολυαμινών 1 ΗΜΦ, η οποία αύξηση ήταν πιο έντονη για τα μοσχεύματα του μάρτυρα. Στη συνέχεια παρατηρήθηκε μείωση όλων των μετρούμενων πολυαμινών 3 ΗΜΦ και ακολούθησε μια δεύτερη μεγαλύτερη αύξηση των συγκεντρώσεων αυτών 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 3α-3δ). Αντίθετα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε στατιστικά σημαντική αύξηση των ολικών πολυαμινών 7 ΗΜΦ. Δραστική και στατιστικά σημαντική μείωση σημειώθηκε στις συγκεντρώσεις όλων των μεμονωμένων ολικών πολυαμινών αλλά και της ολικής συγκέντρωσης αυτών στις 15 ΗΜΦ.



**Σχεδιάγραμμα 9.** Μεταβολές των ολικών πολυαμινών (α-δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.2.2 Φθινόπωρο

Σύμφωνα με τον πίνακα 23, η ποικιλία, η επέμβαση με IBA και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τη συγκέντρωση της ολικής πουτρεσκίνης, ολικής σπερμιδίνης, ολικής σπερμίνης και κατ' επέκταση την ολική συγκέντρωση των πολυαμινών, με εξαίρεση την επίδραση της μεταχείρισης με IBA επί της συγκεντρώσεως της ολικής πουτρεσκίνης. Η αλληλεπίδραση (ποικιλίας x ημέρες) ήταν επίσης σημαντική, ενώ οι υπόλοιπες αλληλεπιδράσεις με ορισμένες εξαιρέσεις δεν άσκησαν σημαντική επίδραση επί των συγκεντρώσεων των μελετώμενων πολυαμινών.

**Πίνακας 23.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

Συγκέντρωση Ολικών Πολυαμινών ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)				
	Put	Spd	Spm	Total PAs
<b>Ποικιλία</b>	***	***	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	ns	*	***	**
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	ns	*	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	*	ns	ns	ns
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	***	*	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	ns	*	ns

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Στον πίνακα 24 παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση ολικών πολυαμινών σε σχέση με τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών'. Τα μοσχεύματα που δέχτηκαν την επέμβαση με αυξίνη είχαν στατιστικά σημαντικά μικρότερες συγκεντρώσεις ολικών πολυαμινών, με εξαίρεση την πουτρεσκίνη. Στην πορεία της ριζοβολίας παρατηρήθηκε στατιστικά σημαντική μείωση στις συγκεντρώσεις των ολικών πολυαμινών. Η συγκέντρωση της ολικής πουτρεσκίνης και της ολικής σπερμιδίνης ήταν μέγιστη 1 ΗΜΦ, ενώ αυτή της ολικής σπερμίνης και η ολική συγκέντρωση των πολυαμινών ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη 0 και 1 ΗΜΦ.

**Πίνακας 24.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

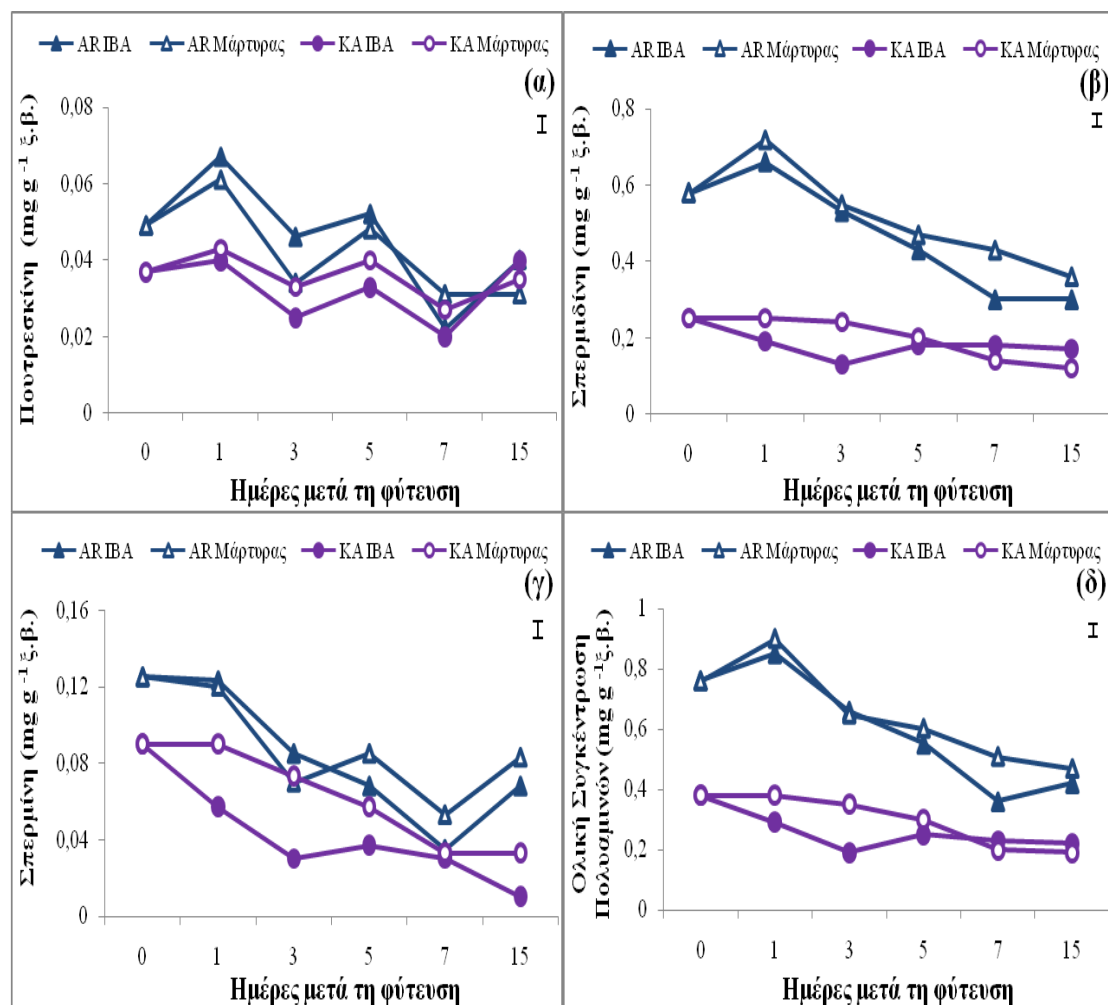
Παράμετρος	Συγκέντρωση Ολικών Πολυαμινών ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)			
	Put	Spd	Spm	Total PAs
<b>Ποικιλία</b>				
Arbequina	0,042a	0,49a	0,086a	0,62a
Καλαμών	0,035b	0,19b	0,053b	0,28b
<b>Επεμβάσεις</b>				
Μάρτυρας	0,039a	0,36a	0,076a	0,47a
IBA 2000 $\text{mg L}^{-1}$	0,038a	0,32b	0,062b	0,43b
<b>Ημέρες</b>				
0	0,043b	0,42ab	0,11a	0,57a
1	0,054a	0,46a	0,098a	0,61a
3	0,035c	0,36bc	0,065b	0,46b
5	0,043b	0,32cd	0,062b	0,43b
7	0,025d	0,26de	0,038c	0,33c
15	0,037bc	0,24e	0,049bc	0,33c

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας παρατηρήθηκαν ορισμένες αυξομειώσεις στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών που τελικά οδήγησαν σε σημαντική μείωση των αρχικών συγκεντρώσεων 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 10α-10δ). Γενικά παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν υψηλότερη συγκέντρωση ολικών πολυαμινών στο μεγαλύτερο διάστημα της ριζοβολίας ανεξαρτήτου επέμβασης. Στα μοσχεύματα των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου επέμβασης παρατηρήθηκε μια πρώτη σημαντική αύξηση στη συγκέντρωση της ολικής πουτρεσκίνης 1 ΗΜΦ, ακολούθησε μια δεύτερη, αλλά μικρότερη για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ αύξηση 5 ΗΜΦ και τέλος μια αύξηση 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 10α).

Η συγκέντρωση της ολικής σπερμιδίνης καθώς και η ολική συγκέντρωση των πολυαμινών αυξήθηκε για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ 1 ΗΜΦ και στη συνέχεια είχαμε σταδιακή μείωση των συγκεντρώσεων αυτών 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 10β και 10δ). Όσον αφορά την ολική σπερμίνη παρατηρούμε ότι η υψηλότερη

συγκέντρωσή της μετρήθηκε στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) (Σχεδ. 10γ). Στη συνέχεια ακολούθησε μείωση στη συγκέντρωση αυτής και μία δεύτερη αύξηση 15 ΗΜΦ. Αντιθέτως, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας, παρατηρήθηκε μια συνεχή μείωση της ολικής σπερμιδίνης, της ολικής σπερμίνης καθώς και της ολικής συγκέντρωσης των πολυαμινών (Σχεδ. 10β, 10γ και 10δ).



**Σχεδιάγραμμα 10.** Μεταβολές των ολικών πολυαμινών (α-δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.2.3 Άνοιξη

Σύμφωνα με τον πίνακα 25, η ποικιλία και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τις συγκεντρώσεις της ολικής πουτρεσκίνης, ολικής σπερμιδίνης, ολικής σπερμίνης και την ολική συγκέντρωση των πολυαμινών. Αντιθέτως, η επέμβαση με IBA καθώς και

η αλληλεπίδραση μεταξύ ποικιλίας και επεμβάσεων και η αλληλεπίδραση μεταξύ επεμβάσεων και ΗΜΦ ήταν στατιστικά σημαντικές μόνο για την ολική σπερμίνη. Η αλληλεπίδραση μεταξύ ποικιλίας και ΗΜΦ ήταν στατιστικά σημαντική για τις συγκεντρώσεις όλων των ολικών πολυαμινών, ενώ η τριπλή επίδραση δεν ήταν σημαντική για καμία από τις μετρούμενες πολυαμίνες.

**Πίνακας 25.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

Συγκέντρωση Ολικών Πολυαμινών ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)				
	Put	Spd	Spm	Total PAs
<b>Ποικιλία</b>	***	***	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	ns	ns	**	ns
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	ns	*	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	ns	**	**
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	ns	ns	ns

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Στον πίνακα 26 παρατηρούμε ότι η ποικιλία ‘Arbequina’ είχε υψηλότερη συγκέντρωση ολικών πολυαμινών σε σχέση με την ‘Καλαμών’. Η εξωγενώς εφαρμοζόμενη αυξίνη επηρέασε σημαντικά τη συγκέντρωση της ολικής σπερμίνης αλλά και την ολική συγκέντρωση των πολυαμινών. Στην πορεία της ριζοβολίας ανεξαρτήτου ορμονικής επέμβασης και ποικιλίας η υψηλότερη συγκέντρωση ολικής πουτρεσκίνης παρατηρήθηκε στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες). Αντίθετα οι συγκεντρώσεις της σπερμιδίνης και της σπερμίνης καθώς και η ολική συγκέντρωση των πολυαμινών είχαν τη μέγιστη τιμή 5 ΗΜΦ.

Στο σχεδιάγραμμα 11(α-δ) βλέπουμε ότι οι συγκεντρώσεις των ολικών πολυαμινών παρουσιάζουν μεταβολές στη πορεία της ριζοβολίας εμφανίζοντας απότομη και σημαντική μείωση από τις 7 ΗΜΦ φτάνοντας σε πολύ χαμηλές τιμές στις 15 ΗΜΦ. Η μείωση στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών ήταν πιο έντονη για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’. Επίσης, παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά πολύ υψηλότερη συγκέντρωση ολικών πολυαμινών από αυτή της ‘Καλαμών’, καθ’ όλη τη διάρκεια της ριζοβολίας και ανεξαρτήτου επέμβασης.

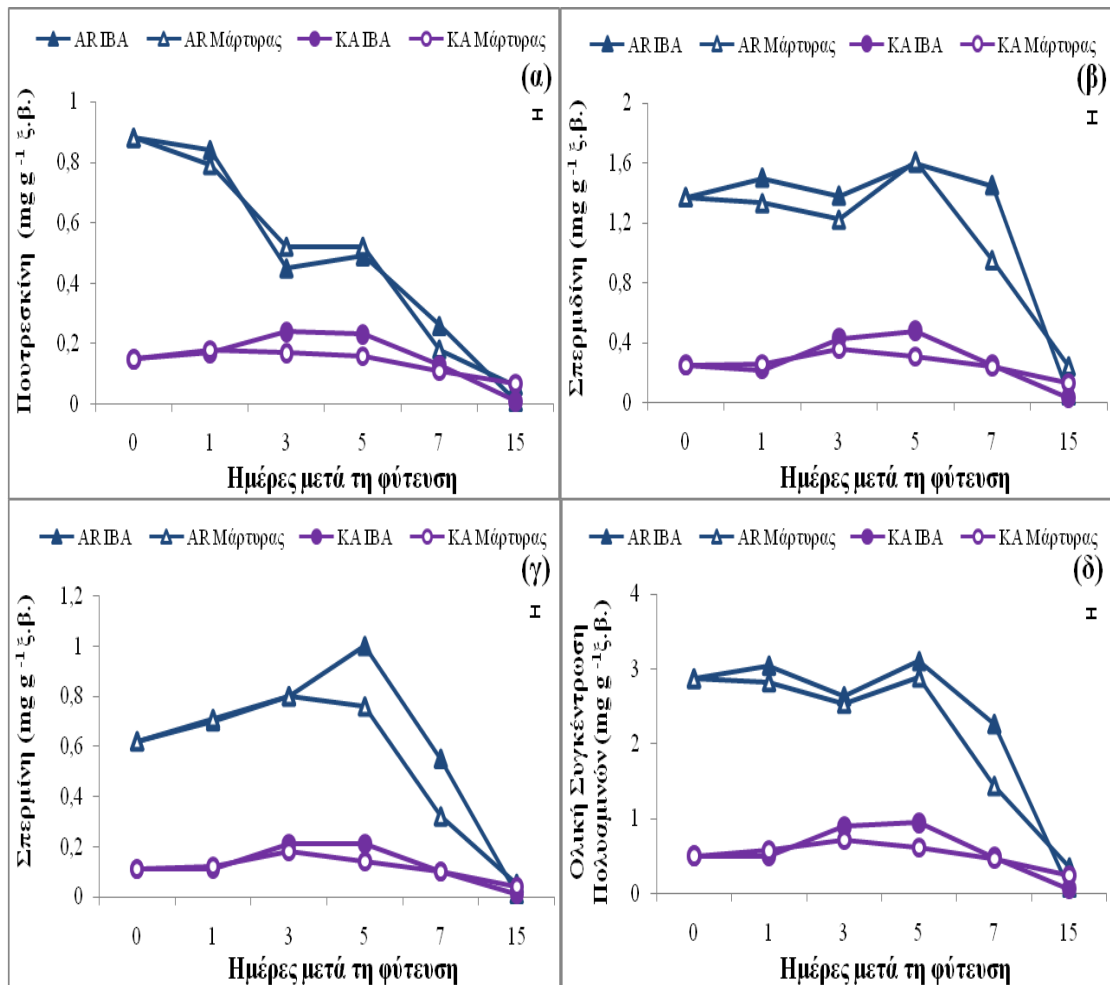
**Πίνακας 26.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

Παράμετρος	Συγκέντρωση Ολικών Πολυαμινών ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)			
	Put	Spd	Spm	Total PAs
<b>Ποικιλία</b>				
Arbequina	0,49a	1,17a	0,58a	2,24a
Καλαμών	0,15b	0,27b	0,12b	0,54b
<b>Επεμβάσεις</b>				
Μάρτυρας	0,31a	0,69a	0,33b	1,33b
IBA 2000 $\text{mg L}^{-1}$	0,32a	0,75a	0,37a	1,45a
<b>Ημέρες</b>				
0	0,52a	0,81ab	0,37b	1,69a
1	0,50ab	0,83ab	0,41b	1,74a
3	0,35b	0,85ab	0,50a	1,69a
5	0,35b	1,00a	0,53a	1,89a
7	0,17c	0,72b	0,27c	1,16b
15	0,04d	0,11c	0,03d	0,18c

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν την υψηλότερη αρχική συγκέντρωση πουτρεσκίνης (0 ημέρες) (Σχεδ. 11α), ενώ στα ίδια μοσχεύματα η συγκέντρωση της ολικής σπερμιδίνης και σπερμίνης αυξήθηκε σημαντικά την 5<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας και στη συνέχεια μειώθηκε (Σχεδ. 11β και 11γ). Αξιοσημείωτο είναι ότι η αύξηση της ολικής σπερμίνης την 5<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη για τα μοσχεύματα του IBA (Σχεδ. 11γ). Η ολική συγκέντρωση των πολυαμινών παρέμεινε στατιστικά σημαντικά υψηλή 0 και 1 ΗΜΦ, ενώ 3 ΗΜΦ μειώθηκε σημαντικά. Στη συνέχεια την 7<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας αυξήθηκε πάλι σημαντικά και μετά ακολούθησε σημαντική μείωση αυτής (Σχεδ. 11δ). Όσον αφορά τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ παρατηρούμε ότι οι συγκεντρώσεις των ολικών πολυαμινών αυξήθηκαν στατιστικά σημαντικά 3 και 5 ΗΜΦ, με την αύξηση αυτή να είναι πιο έντονη για τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με IBA και στη συνέχεια μειώθηκαν σημαντικά (Σχεδ. 11α-11δ).





**Σχεδιάγραμμα 11.** Μεταβολές των ολικών πολυαμινών (α-δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

#### 4. Συζήτηση

Το IBA μπορεί να προωθήσει τη ριζοβολία διεγείροντας τη μεριστωματική δραστηριότητα στη βάση των μοσχευμάτων. Επιπλέον, το IBA πιθανόν να τροποποιεί τη δράση του IAA ή να μεταβάλλει τη σύνθεσή του (Henrique et al., 2006). Στην παρούσα εργασία (όπως αναφέρθηκε και σε προηγούμενα κεφάλαια) βρέθηκε ότι το IBA προώθησε τη ριζοβολία στην εύκολη ποικιλία ‘Arbequina’. Αντιθέτως, η εφαρμογή αυξίνης στη δύσκολη ποικιλία ‘Καλαμών’ φαίνεται να είναι αναποτελεσματική στην επαγωγή ριζοβολίας. Ωστόσο, έχει βρεθεί ότι η αλληλεπίδραση μεταξύ της αυξίνης και άλλων βοηθητικών ενώσεων όπως είναι οι πολυαμίνες μπορεί να δράσει επικουρικά ή συνεργιστικά αυξάνοντας τα ποσοστά ριζοβολίας (Hartmann et al., 2001; Chistofori et al., 2010).

Στην ελιά, καθώς και σε άλλα φυτικά είδη, έχει παρατηρηθεί ότι η συγκέντρωση των ενδογενών πολυαμινών (ελεύθερες και συζευγμένες) επηρεάζει και συμβάλλει θετικά στη ριζοβολία των μοσχευμάτων (Rugini et al., 1991 και 1993). Στην παρούσα εργασία παρατηρούμε ότι για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ μεταξύ των αρχικών ελεύθερων πολυαμινών κυρίαρχη ήταν η πουτρεσκίνη (Σχεδ. 8α), ενώ μεταξύ των ολικών πολυαμινών η ολική σπερμιδίνη με ένα πολύ μικρό ποσοστό αυτής να βρίσκεται σε ελεύθερη μορφή (2,5-8%) (Σχεδ. 7β). Η αρχική συγκέντρωση της ελεύθερης πουτρεσκίνης αντιστοιχεί στο 40-45% της αρχικής ολικής πουτρεσκίνης στην ποικιλία ‘Arbequina’, ενώ στην ποικιλία ‘Καλαμών’ το ποσοστό αυτό κυμαίνεται μεταξύ του 7-15% (Σχεδ. 8γ). Τα αποτελέσματα του πειράματος δείχνουν επίσης ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν υψηλότερη αρχική συγκέντρωση ενδογενών ελεύθερων και ολικών πολυαμινών σε σχέση με αυτά της ‘Καλαμών’ (Σχεδ. 7 και 8). Επιπλέον, η ελεύθερη σπερμίνη ανιχνεύτηκε πιο συχνά στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ (τα αποτελέσματα δεν παρουσιάζονται). Τα αποτελέσματα της παρούσας εργασίας είναι παρόμοια με αυτά των Rugini et al. (1993) που έχουν βρει ότι στην ελιά οι ελεύθερες πολυαμίνες είτε απουσιάζουν (σπερμίνη) ή εντοπίζονται σε πολύ χαμηλές συγκεντρώσεις.

Επίσης, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ μόνο το 4% της αρχικής συγκέντρωσης των ολικών πολυαμινών ήταν σε ελεύθερη μορφή, εν αντιθέσει με την ποικιλία ‘Arbequina’ όπου το ποσοστό των ελεύθερων πολυαμινών αντιστοιχεί στο 12% των ολικών πολυαμινών. Επομένως, η μειωμένη ριζοβολία των μοσχευμάτων της

‘Καλαμών’ θα μπορούσε μερικώς να συνδεθεί με τη χαμηλή συγκέντρωση των ελεύθερων πολυαμινών που περιέχονται σε αυτά. Το συμπέρασμα αυτό ενισχύεται από προηγούμενες αναφορές όπου επισημαίνεται ότι οι ελεύθερες πολυαμίνες και κυρίως η ελεύθερη πουτρεσκίνη είναι ιδιαίτερα σημαντική για την προώθηση της ριζοβολίας και το σχηματισμό των ριζών, ενώ οι δεσμευμένες πολυαμίνες δεν ασκούν καμία επίδραση στην κυτταρική διαίρεση (Bagni και Tassoni, 2001).

Το υψηλότερο ποσοστό ριζοβολίας που καταγράφηκε για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ το καλοκαίρι (76%) συνέπεσε με την αυξημένη αρχική συγκέντρωση ελεύθερων πολυαμινών, ενώ το αντίθετο ισχύει για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Αντίθετα, η υψηλή συγκέντρωση αρχικών ολικών πολυαμινών δε συνέπεσε με την υψηλότερη ριζοβολία και στις δύο ποικιλίες. Επιπροσθέτως, στη μελέτη αυτή βρέθηκε θετική συσχέτιση μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας της ‘Arbequina’ και των αρχικών συγκεντρώσεων των ελεύθερων πολυαμινών (πουτρεσκίνη και σπερμιδίνη) (Πίνακας 19). Τα αποτελέσματα αυτά ενισχύουν ακόμη περισσότερο το σημαντικό ρόλο που έχουν οι ελεύθερες πολυαμίνες και ιδιαίτερα η πουτρεσκίνη στη ριζοβολία όπως έχει επισημανθεί και από άλλους ερευνητές (Tiburcio et al., 1989; Rugini et al., 1997; Faivre-Rampant et al., 2000; Neves et al., 2002). Αντίθετα, δε βρέθηκε καμία συσχέτιση μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών πολυαμινών στα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ (Πίνακας 19). Από όλα τα παραπάνω και κυρίως το γεγονός ότι η ποικιλία ‘Arbequina’ είχε σημαντικά υψηλότερες συγκεντρώσεις πολυαμινών και ιδιαίτερα σε ελεύθερη μορφή, θα μπορούσαν, μερικώς τουλάχιστον, να δικαιολογήσουν την αυξημένη ικανότητα ριζοβολίας της, σε σχέση με την ‘Καλαμών’. Βέβαια, αν πράγματι οι πολυαμίνες παίζουν σημαντικό ρόλο στη ριζοβολία, τότε γεννάται εύλογα το ερώτημα μέσω ποιών μηχανισμών εμπλέκονται σε αυτήν.

Πολλές μελέτες συσχετίζουν τη ριζοβολία με τη συσσώρευση πολυαμινών, χωρίς ωστόσο να προσδιορίζουν τα ακριβή στάδια στα οποία εμπλέκονται οι πολυαμίνες (Gaspar et al., 1997; Naija et al., 2009). Επιπλέον, δεν είναι ακόμη σαφές αν οι πολυαμίνες έχουν ένα συγκεκριμένο ρυθμιστικό ρόλο ή αν οι μεταβολές στις συγκεντρώσεις τους απλά συνοδεύουν τη διαδικασία ανάπτυξης των ριζών (Friedman et al., 1982). Στην παρούσα μελέτη παρατηρήθηκαν μεταβολές στις συγκεντρώσεις των ολικών πολυαμινών στην πορεία της ριζοβολίας (Σχεδ. 9, 10 και 11). Μεταβολές

στη συγκέντρωση των πολυαμινών κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας έχουν αναφερθεί για διάφορα φυτικά είδη όπως στον καπνό (Tiburcio et al., 1989), στη λεύκα (Gaspar et al., 1997; Hausman et al., 1997) και στη μηλιά (Naija et al., 2009). Οι Tang και Newton (2005) αναφέρουν ότι οι μεταβολές στη συγκέντρωση των πολυαμινών σχετίζονται κυρίως με τον έλεγχο της ισορροπίας μεταξύ της κυτταρικής διαίρεσης και της διαφοροποίησης.

Στην παρούσα μελέτη ο προσδιορισμός των πολυαμινών στις βάσεις των μοσχευμάτων κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας έδειξε, για όλες τις εποχές, μια πρώτη αύξηση στη συγκέντρωση της πουτρεσκίνης στα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ 1 ΗΜΦ και στη συνέχεια παρατηρήθηκε σταδιακή μείωση (Σχεδ. 9α, 10α και 11α). Αυτή η αύξηση της ενδογενούς πουτρεσκίνης επιβεβαιώνει προηγούμενες μελέτες σύμφωνα με τις οποίες η συγκέντρωση της πουτρεσκίνης υπόκειται σε παροδική αύξηση κατά το στάδιο έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων (Gaspar et al., 1997; Kevers et al., 1997; Uribe et al., 2008). Επιπλέον, η παραπάνω παρατήρηση επαληθεύει προηγούμενες αναφορές κατά τις οποίες φαίνεται ότι η πουτρεσκίνη εμπλέκεται στον έλεγχο της έναρξης της διαφοροποίησης των ριζικών αρχεγόνων σε διάφορα φυτικά είδη και ότι η συγκέντρωσή της είναι αυξημένη στις ζώνες διαφοροποίησης (Hausman et al., 1997; Nag et al., 2001; Tang και Newton, 2005; Cvikrová et al., 2008). Η δεύτερη αύξηση στη συγκέντρωση της πουτρεσκίνης που παρατηρήθηκε μεταξύ της πέμπτης και της έβδομης ΗΜΦ και συνεχίστηκε μέχρι και 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 9α, 10α και 11α) πιθανόν να συμπίπτει με την περίοδο αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών όπως έχει προηγουμένως αναφερθεί και από άλλους ερευνητές (Nag et al., 2001; Osterc et al., 2007). Επίσης, η αυξημένη παρουσία της σπερμιδίνης και της σπερμίνης που παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας θα μπορούσε να συσχετιστεί με τη δραστηριοποίηση των μεριστωματικών κέντρων καθώς επίσης και με την ανάπτυξη των ριζικών αρχεγόνων όπως έχει επισημανθεί προηγούμενα από τους Tang και Newton (2005) και Uribe et al. (2008).

Όσον αφορά την ποικιλία ‘Καλαμών’ παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση των πολυαμινών στα μοσχευμάτά της αυξήθηκε σημαντικά 7 ΗΜΦ το καλοκαίρι (Σχεδ. 9α-δ), ενώ το φθινόπωρο και την άνοιξη η συγκέντρωση των πολυαμινών αυξήθηκε 1 και 3 ΗΜΦ, αντίστοιχα (Σχεδ. 10α-δ και 11α-δ). Ωστόσο, αυτή η αύξηση δεν ήταν τόσο μεγάλη όσο αυτή του καλοκαιριού. Καθυστερημένη αύξηση της συγκέντρωσης

των πολυαμινών έχει επίσης αναφερθεί και για άλλα δύσκολα στη ριζοβολία φυτικά είδη (*rac tobacco mutant*) (Faivre-Rampant et al., 2000). Η καθυστερημένη αύξηση των πολυαμινών στην ποικιλία ‘Καλαμών’ και κυρίως αυτή της πουτρεσκίνης θα μπορούσε πιθανόν να συσχετιστεί με το γεγονός ότι η κυτταρική διαίρεση λαμβάνει χώρα χωρίς ωστόσο να έχουμε ριζική ανταπόκριση (Uribe et al., 2008). Εκτός των παραπάνω, έχει βρεθεί πρόσθετα ότι οι πολυαμίνες παίζουν ρόλο και στις αβιοτικές καταπονήσεις (Tang και Newton, 2005). Επομένως, η αυξημένη συγκέντρωση των πολυαμινών που παρατηρήθηκε το καλοκαίρι στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ θα μπορούσε να αποδοθεί σε πιθανή αντίδραση των μοσχευμάτων στις υψηλότερες συγκριτικά με το φθινόπωρο και την άνοιξη θερμοκρασίες που επικρατούν εκείνη την περίοδο (βλέπε Παράρτημα Β).

Με βάση τα αποτελέσματα του παρόντος κεφαλαίου συμπεραίνουμε ότι οι πολυαμίνες και κυρίως στην ελεύθερή τους μορφή παίζουν σημαντικό ρόλο στο σχηματισμό των τυχαίων ριζών για τα μοσχεύματα ελιάς. Ωστόσο, πιθανόν και άλλοι παράγοντες σε συνδυασμό ή μη με τις πολυαμίνες να επηρεάζουν την ικανότητα των μοσχευμάτων ελιάς για ριζοβολία και κυρίως αυτών που ριζοβολούν δύσκολα, ορισμένοι εκ των οποίων μελετώνται στα επόμενα κεφάλαια της παρούσας διατριβής.

## 5. Συμπεράσματα

Τα αποτελέσματά του πειράματος δείχνουν ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν υψηλότερη αρχική συγκέντρωση ενδογενών ελεύθερων και ολικών πολυαμινών σε σχέση με αυτά της ‘Καλαμών’. Επίσης, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ μόνο το 4% της αρχικής συγκέντρωσης των ολικών πολυαμινών ήταν σε ελεύθερη μορφή, εν αντιθέσει με την ποικιλία ‘Arbequina’ όπου το ποσοστό των ελεύθερων πολυαμινών αντιστοιχεί στο 12% των ολικών πολυαμινών. Επομένως, η μειωμένη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ‘Καλαμών’ θα μπορούσε να συνδεθεί με τη χαμηλή συγκέντρωση των ελεύθερων πολυαμινών που παρουσιάζουν τα μοσχεύματα αυτά. Επιπλέον, βρέθηκε σημαντικά θετική συσχέτιση μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας της ‘Arbequina’ και των αρχικών συγκεντρώσεων των ελεύθερων πολυαμινών (πουτρεσκίνης και σπερμιδίνης). Αντίθετα, δε βρέθηκε αντίστοιχη συσχέτιση στα μοσχεύματα της ‘Καλαμών’, με εξαίρεση τη συγκέντρωση της ολικής πουτρεσκίνης.

Επομένως, με βάση τα αποτελέσματά της παρούσας εργασίας θα μπορούσαμε να συμπεράνουμε ότι η αυξημένη σύνθεση και παρουσία πολυαμινών στην ποικιλία ‘Arbequina’ θα μπορούσε να συσχετιστεί με τη μεριστωματική δραστηριότητα και με το σχηματισμό των ριζικών καταβολών. Επίσης, οι σημαντικές διαφορές στη συγκέντρωση των πολυαμινών μεταξύ των δύο ποικιλιών, καθώς και οι μεταβολές αυτών στα αρχικά στάδια της ριζοβολίας μπορεί να εξηγήσουν τουλάχιστον μερικώς την κατά πολύ υψηλότερη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ σε σχέση με αυτήν της ποικιλίας ‘Καλαμών’.

## 6. Βιβλιογραφία

- Bagni, N., Tassoni, A., 2001. Biosynthesis, oxidation and conjugation of aliphatic polyamines in higher plants. *Amino Acids* 20, 301-317.
- Cristofori, V., Roupael, Y., Rugini, E., 2010. Collection time, cutting age, IBA and putrescine effects on root formation in *Corylus avellana* L. cuttings. *Scientia Horticulturae* 124, 189-194.
- Cvikrová, M., Gemperlová, L., Eder, J., Zažimalová, E., 2008. Excretion of polyamines in alfalfa and tobacco suspension-cultured cells and its possible role in maintenance of intracellular polyamine contents. *Plant Cell Reports* 27, 1147-1156.
- El-Quesni, F.E.M., Kandil, M.M., Mahgoud, M.H., 2007. Some studies on the effect of putrescine and paclobutrazol on the growth and chemical composition of *Bougainvillea glabra* L. at Nubaria. *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Science* 2(5), 552-558.
- Faivre-Rampant, O., Kevers, C., Dommes, J., Gaspar, T., 2000. The recalcitrance to rooting of the micropropagated shoots of the *rac* tobacco mutant: implications of polyamines and of the polyamine metabolism. *Plant Physiology and Biochemistry* 38(6), 441-448.
- Fontaniella, B., Mateos, J.L, Vicente, C., Legaz, M.E., 2001. Improvement of the analysis of dansylated derivatives of polyamines and their conjugates by high-performance liquid chromatography. *Journal of Chromatography A* 919, 283-288.
- Friedman, R., Altman, A., Bachrach, U., 1982. Polyamines and root formation in mung bean hypocotyls cuttings: I. Effects of exogenous compounds and changes in endogenous polyamine content. *Plant Physiology* 70, 844-848.
- Gaspar, T., Kevers, C., Hausman, J.F., 1997. Indissociable chief factors in the inductive phase of adventitious rooting, in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds.), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 55-63.
- Geny, L., Broquedis, M., Martin-Tanguy, J., Bouard, J., 1997. Free, conjugated and wall-bound polyamines in various organs of fruiting cuttings of *Vitis vinifera* L. cv. Cabernet Sauvignon. *American Journal of Enology and Viticulture* 48(1), 80-84.
- Hartmann, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T., Geneve, R.L., 2001. *Plant propagation principles and practices*, 5th edn. Prentice-Hall, New Jersey.
- Hausman, J.F., Kevers, C., Evers, D., Gaspar, T., 1997. Conversion of putrescine to  $\gamma$ -aminobutyric acid, an essential pathway for root formation by poplar shoots *in*

- vitro*, in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds.), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 133-139.
- Henrique, A., Campinhos, E.N., Ono, E.O., de Pinho, S.Z., 2006. Effect of plant growth regulators in rooting of *Pinus* cuttings. *Brazilian Archives of Biology and Technology* 49, 189–196.
- Kevers, C., Hausman, J.F., Gaspar, T., 1997. Involvement of putrescine and of its catabolic pathway in the induction of rooting of walnut shoots *in vitro*, in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds.), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 161-162.
- Kusano, T., Berberich, T., Tateda, C., Takahashi, Y., 2008. Polyamines: essential factors for growth and survival. *Planta* 228, 367-381.
- Li, S-W., Xue, L., Xu, S., Feng, H., An, L., 2009. Mediators, genes and signaling in adventitious rooting. *Botanical Review* 75, 230-247.
- Martin-Tanguy, J., 1997. Conjugated polyamines and reproductive development: biochemical, molecular and physiological approaches. *Physiologia Plantarum* 100, 675-688.
- Mendes, A.F.S., Cidade, L.C., Otoni, W.C., Soares-Filho, W.S., Costa, M.G.C., 2011. Role of auxins, polyamines and ethylene in root formation and growth in sweet orange. *Journal of Plant Biology* 55(2), 375-378.
- Nag, S., Saha, K., Choudhuri, M.A., 2001. Role of auxin and polyamines in adventitious root formation in relation to changes in compounds involved in rooting. *Journal of Plant Growth Regulation* 20, 182-194.
- Naija, S., Elloumi, N., Ammar, S., Kevers, C., Dommès, J., 2009. Involvement of polyamines in the adventitious rooting of micropropagated shoots of the apple rootstock MM106. *In Vitro Cell and Developmental Biology-Plant* 45, 83-91.
- Neves, C., Santos, H., Vilas-Boas, L., Amâncio, S., 2002. Involvement of free and conjugated polyamines and free amino acids in the adventitious rooting of micropropagated cork oak and grapevine shoots. *Plant Physiology and Biochemistry* 40, 1071-1080.
- Osterc, G., Štefančič, M., Solar, A., Štampar, F., 2007. Potential involvement of flavonoids in the rooting response of chestnut hybrid (*Castanea crenata* x *Castanea sativa*) clones. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 47, 96-102.



- Pedrol, N., Tiburcio, A., 2001. Polyamines determination by TLC and HPLC, in: Reigosa Roger, M.J. (Ed.), Handbook of plant ecophysiology techniques. Kluwer Academic Publishers, Netherlands, pp. 335-363.
- Rugini, E., Luppino, M., De Agazio, M., Grego, S., 1991. Endogenous polyamine and root morphogenesis variations under different treatments in cuttings and in vitro explants of olive. *Acta Horticulturae* 300, 225-232.
- Rugini, E., Jacoboni, A., Luppino, M., 1993. Role of basal shoot darkening and exogenous putrescine treatments on in vitro rooting and on endogenous polyamine changes in difficult-to-root woody species. *Scientia Horticulturae* 53, 63-72.
- Rugini, E., Di Francesco, G., Muganu, M., Astolfi, S., Caricato, G., 1997. The effects of polyamines and hydrogen peroxide on root formation in olive and the role of polyamines as an early marker for rooting ability, in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds.), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 65-73.
- Sankhla, N., Upadhyaya, A., 1989. Polyamines and adventitious root formation, in: Davis, T.D., Haissig, B.E., Sankhla, N. (Eds.), *Adventitious root formation in cuttings*. Dioscorides Press, Portland, OR, pp. 70-78.
- Talaat, I., Balbaa, L.K., 2010. Physiological response of sweet basil plants (*Ocimum basilicum* L.) to putrescine and trans-cinnamic acid. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Science* 8(4), 438-445.
- Tang, W., Newton, R.J., 2005. Polyamines promote root elongation and growth by increasing root cell division in regenerated Virginia pine (*Pinus virginiana* Mill.) plantlets. *Plant Cell Reports* 24, 581-589.
- Tiburcio, A.F., Gendy, C.A., Van, K.T.T., 1989. Morphogenesis in tobacco subepidermal cells: Putrescine as marker of root differentiation. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 19, 43-54.
- Uribe, M.E., Materán, M.E., Canal, M.J., Rodriguez, R., 2008. Specific polyamine ratios as indicators of *Pinus caribaea* microshoot rooting phases. *Plant Biosystems* 142(3), 446-453.

# 3

## Ο ρόλος των ενζύμων στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς

### Περίληψη

Σκοπός του παρόντος κεφαλαίου ήταν η διερεύνηση του ρόλου των ενζύμων υπεροξειδάση (POD), πολυφαινολοξειδάση (PPO) και οξειδάση του ινδολοξικού (IAA oxidase) στην περιοχή της βάσης του μοσχεύματος, στην ικανότητα ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς. Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν υψηλότερη αρχική ενεργότητα POD και IAA oxidase. Ο προσδιορισμός της ενεργότητας των ενζύμων στις βάσεις των μοσχευμάτων κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας έδειξε ότι και στις δύο ποικιλίες η ενεργότητα της POD αυξήθηκε σημαντικά 15 ΗΜΦ και στις τρεις περιόδους. Η ενεργότητα της IAA oxidase στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ παρουσίασε μικρή αύξηση την 3<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας το καλοκαίρι και το φθινόπωρο, ενώ την άνοιξη ήταν μέγιστη στην αρχή της ριζοβολίας. Στην ποικιλία ‘Καλαμών’, η ενεργότητα της IAA oxidase αυξήθηκε σημαντικά 3 ΗΜΦ το καλοκαίρι, ενώ το φθινόπωρο και την άνοιξη η ενεργότητά της ήταν μέγιστη 5 ΗΜΦ. Η ενεργότητα της PPO ήταν στατιστικά σημαντικά αυξημένη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ και τις τρεις περιόδους στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) και 15 ΗΜΦ. Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ βρέθηκε ότι η ενεργότητα της PPO ήταν αυξημένη το καλοκαίρι 3 ΗΜΦ, το φθινόπωρο 5 και 15 ΗΜΦ, ενώ την άνοιξη 0 και 3 ΗΜΦ. Τέλος, τα μοσχεύματα του μάρτυρα και των δύο ποικιλιών το φθινόπωρο είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη PPO, POD και IAA oxidase σε σχέση με το IBA. Επομένως, η διαφορά μεταξύ των δύο ποικιλιών, όσον αφορά την ενεργότητα των ενζύμων θα μπορούσε εν μέρει να δικαιολογήσει τη διαφορετική ικανότητα ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων δύο ποικιλιών ελιάς.



## 1. Εισαγωγή

Η επίδραση των αυξινών στη ριζοβολία των μοσχευμάτων είναι αναμφισβήτητη αφού η εξωγενής εφαρμογή αυξινών σε διάφορες συγκεντρώσεις επάγει τη ριζοβολία περισσότερο σε σχέση με οποιονδήποτε άλλο παράγοντα. Ωστόσο, παρόλο που οι αυξίνες χρησιμοποιούνται ευρέως για την προώθηση της ριζοβολίας δεν έχει ακόμα διευκρινιστεί πλήρως η ειδική τους δράση καθώς και οι αλληλεπιδράσεις τους με τις άλλες ενδογενείς ουσίες (Gaspar et al., 1997). Έχει επίσης παρατηρηθεί σχεδόν σε όλες τις φάσεις της ριζογένεσης η ύπαρξη κάποιων ενζύμων τα οποία επηρεάζουν άλλοτε περισσότερο και άλλοτε λιγότερο τη διαδικασία σχηματισμού των ριζών. Πολλά από αυτά τα ένζυμα επηρεάζουν το μεταβολισμό των αυξινών άμεσα ή έμμεσα (Hartmann et al., 2001). Τα ένζυμα τα οποία φαίνεται να εμπλέκονται πιο συχνά στο σχηματισμό των τυχαίων ριζών είναι η υπεροξειδάση (POD; donor:  $H_2O_2$  oxidoreductase, E.C. 1.11.1.7), η πολυφαινολοξειδάση (PPO; monophenol, dihydroxy-L-phenylalanine oxygen oxidoreductase, E.C. 1.14.18.1) και η IAA οξειδάση (IAA oxidase) (Kavrayan και Aydemir, 2001; Qaddoury και Amssa, 2004).

Η υπεροξειδάση ανήκει στην κατηγορία των αιμοπρωτεϊνών (haemoproteins) και χρησιμοποιεί το υπεροξείδιο ( $H_2O_2$ ) ως υπόστρωμα για να οξειδώσει οργανικούς και ανόργανους δότες υδρογόνου όπως είναι οι φαινολικές ενώσεις, το ασκορβικό οξύ, οι αμίνες, το κυτόχρωμα c κλπ. (Swarnkar και Tyagi, 1997). Το ένζυμο αυτό συμμετέχει σε ένα μεγάλο αριθμό σημαντικών φυσιολογικών διαδικασιών της ανάπτυξης, όπως είναι η εναπόθεση πρωτεΐνης ως δομικό υλικό, η σύνθεση μερικών φαινοξυ ριζών από αρωματικές ενώσεις στον αποπλαστικό χώρο και η κατάλυση των αντιδράσεων της εναπόθεσης λιγνίνης στα κυτταρικά τοιχώματα (πολυμερισμός της λιγνίνης) (Metaxas et al., 2004; Vatulescu et al., 2004; Husen και Pal, 2007; Kose et al., 2011). Επίσης, η υπεροξειδάση φαίνεται ότι μπορεί να οξειδώσει τη φυσική αυξίνη IAA παρουσία  $O_2$  και  $Mn^{+2}$  ως μεταλλικού συμπαραγόντα δρώντας έτσι ως IAA oxidase χωρίς ωστόσο ο τρόπος αυτός να είναι απόλυτα γνωστός (Gunes, 2000). Επιπροσθέτως, υπάρχουν σαφείς αναφορές ότι η POD είναι υπεύθυνη, μερικώς τουλάχιστον, για την ενεργότητα της IAA oxidase (Shinshi και Noguchi, 1975). Ωστόσο η ύπαρξη συσχέτισης μεταξύ της POD, IAA oxidase και PPO παραμένει ακόμα ασαφής (Srivastava και Huystee, 1977). Σύμφωνα με τους παραπάνω ερευνητές η POD και η IAA oxidase είναι διαφορετικά ένζυμα και μόνο λίγα από τα ισοένζυμα

της POD δρουν ως IAA oxidase. Ωστόσο, παρόλο που οι ενεργότητες τους σχετίζονται με το ίδιο πρωτεϊνικό μόριο, έχουν διαφορετικά σημεία δράσης (Patel και Thaker, 2007).

Πολλοί ερευνητές κάνουν λόγο για μειωμένη ενεργότητα της POD κατά το στάδιο της έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων όπου παρατηρούνται αυξημένα επίπεδα αυξίνης και αύξηση της ενεργότητας της POD κατά το στάδιο αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών (Gaspar et al., 1997; Vatulescu et al., 2004; Li et al., 2009; Kose et al., 2011; Husen, 2012). Επίσης, έχει βρεθεί θετική συσχέτιση μεταξύ της ενεργότητας της POD και της ριζοβολίας σε διάφορα φυτικά είδη (Gunes, 2000; Fekete et al., 2002; Vatulescu et al., 2004; Husen, 2012). Για τους παραπάνω λόγους πολλοί ερευνητές θεωρούν ότι η ενεργότητα της POD μπορεί να χρησιμοποιηθεί ως ένας καλός δείκτης του βαθμού ευκολίας της ριζοβολίας των μοσχευμάτων (Gunes, 2000; Li et al., 2009; Kose et al., 2011; Husen, 2012).

Εκτός όμως από την POD έχει βρεθεί ότι πρωτίστως η IAA oxidase επηρεάζει τα ενδογενή επίπεδα της φυσικής αυξίνης αφού το IAA αποτελεί το υπόστρωμα δράσης αυτού του ενζύμου (Hartmann et al., 2001). Η μέτρηση της ενεργότητας αυτού του ενζύμου στην πορεία της ριζοβολίας έδειξε ότι ο μεταβολισμός των αυξινών και κυρίως του IAA παίζει σημαντικό ρόλο στη ριζοβολία των μοσχευμάτων (Qaddoury και Amssa, 2004). Αυτό συμβαίνει γιατί όπως έχει αναφερθεί από αρκετούς ερευνητές, απαιτείται υψηλότερη συγκέντρωση αυξινών κατά την αποδιαφοροποίηση των κυττάρων και κατά την έναρξη σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων και λιγότερη κατά την αύξηση και ανάπτυξη των ριζικών καταβολών (Sagee et al., 1992; Caboni et al., 1997; Hartmann et al., 2001).

Η πολυφαινολοξειδάση ανήκει στην κατηγορία των χαλκο-πρωτεϊνών (Kavrayan και Aydemir, 2001). Η PPO είναι το ένζυμο το οποίο είναι υπεύθυνο για την οξείδωση των φαινολικών ενώσεων και ειδικότερα της υδροξυλίωσης των μονοφαινολών σε ο-διφαινόλες καθώς και της οξείδωσης των ο-διφαινολών σε ο-κινόνες. Παράλληλα, η PPO είναι υπεύθυνη για τη σύνθεση των διαφόρων φαινολικών ενώσεων από πρόδρομες μονοφαινόλες. Ειδικότερα, η δράση της PPO αναγεννά διφαινόλες που παρεμποδίζουν τη δράση της IAA oxidase. Η αύξηση της ενεργότητας αυτού του ενζύμου κατά τα πρώτα στάδια της ριζογένεσης φαίνεται να παίζει σημαντικό ρόλο αφού είναι υπεύθυνο για τη βιοσύνθεση και τον καταβολισμό των συνεργιστών ο-διφαινολών που θεωρούνται ότι δρουν προστατευτικά του IAA από την

οξειδωση (Leopold και Kriedemann, 1975; Hartmann et al., 2001). Παράλληλα η PPO παρεμποδίζει τη βιοσύνθεση της λιγνίνης προωθώντας την κυτταρική διαίρεση, την κυτταρική διαφοροποίηση και την ανάπτυξη των ριζικών αρχηγόνων (Hou et al., 2010; Tchinda et al., 2013).

Από τα παραπάνω συμπεραίνουμε ότι τα επίπεδα της φυσικής αυξίνης IAA ελέγχονται ενζυμικά όχι μόνο από το κύριο ένζυμο του καταβολισμού της, την IAA oxidase, αλλά και από την POD και εμμέσως από την PPO. Μάλιστα έχει αναφερθεί ότι τα ποσοστά ριζοβολίας των μοσχευμάτων σχετίζονται άμεσα με την ενεργότητα της IAA oxidase αλλά και της POD. Συνεπώς, γίνεται κατανοητό ότι ο ρόλος των ενζύμων αυτών είναι ιδιαίτερα σημαντικός έως καταλυτικός για τη ριζοβολία των μοσχευμάτων. Τα ενζυμικά αυτά συστήματα τα οποία εμπλέκονται στη ριζογένεση είναι μάλιστα ιδιαίτερα πολύπλοκα.

Στόχος της εργασίας στο παρόν κεφάλαιο ήταν να προσδιορίσουμε την ενεργότητα των πιο πάνω ενζύμων και να διερευνήσουμε την πιθανότητα οι μεταβολές στην ενεργότητα αυτών στα πρώτα στάδια της ριζογένεσης να επηρεάζουν την ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ελιάς και ειδικότερα της ποικιλίας 'Καλαμών'.

## 2. Υλικά και Μέθοδοι

### 2.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και δειγματοληψία μοσχευμάτων για τη μέτρηση των ενζύμων

Η διεξαγωγή των πειραμάτων έγινε όπως περιγράφεται στο Κεφάλαιο 1. Από τα μοσχεύματα που εγκαταστάθηκαν στη μονάδα της υδρονέφωσης έγινε δειγματοληψία στις μηδέν, μία, τρεις, πέντε, επτά και δεκαπέντε ημέρες μετά τη φύτευση με στόχο να μελετήσουμε πιθανές αλλαγές στην ενεργότητα των ενζύμων των μοσχευμάτων κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας. Κατά τη δειγματοληψία λαμβάνονταν ολόκληρα τα μοσχεύματα χωρίς να αποκόβεται η βάση τους. Οι δειγματοληψίες διενεργήθηκαν σε μοσχεύματα που είχαν δεχτεί και τις δύο επεμβάσεις (IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> και μάρτυρας). Σε κάθε δειγματοληψία και για κάθε επέμβαση λαμβάνονταν 10 μοσχεύματα ανά επανάληψη (40 μοσχεύματα ανά επέμβαση) για κάθε μια από τις δύο μελετώμενες ποικιλίες. Τα δείγματα τοποθετούνταν μέσα σε πλαστικά σακουλάκια με κατάλληλη σήμανση αναλόγως της επέμβασης και μεταφέρονταν στο εργαστήριο Δενδροκομίας του ΓΠΑ μέσα σε πλαστικά φορητά ψυγεία με παγοκύστες. Στο εργαστήριο αποκόβονταν 2 cm του βλαστού από τη βάση των μοσχευμάτων οι οποίες χρησιμοποιούνταν αμέσως για να πραγματοποιηθεί η εκχύλιση των πρωτεϊνών και στη συνέχεια η μέτρηση της ενεργότητας των ενζύμων.

### 2.2 Μέθοδος εκχύλισης των πρωτεϊνών

Η εκχύλιση του πρωτεϊνικού περιεχομένου των βάσεων των μοσχευμάτων πραγματοποιήθηκε σύμφωνα με τους Kochhar et al. (2008). Πιο συγκεκριμένα, εκχυλίστηκαν 1-2 g νωπού ιστού με 10 mL φωσφορικό ρυθμιστικό διάλυμα 100 mM (phosphate buffer) pH 7,0 σε συνθήκες χαμηλής θερμοκρασίας 0-4 °C με τη χρήση Ultra turrax. Το φωσφορικό διάλυμα περιείχε 2 mM EDTA (ethylenediamine-tetraacetic acid), 1 mM ασκορβικό οξύ και 1% PVPP που προσροφά τις φαινολικές ενώσεις. Το εναιώρημα φυγοκεντρήθηκε σε ψυχόμενη φυγόκεντρο στα 20000 rpm για 10 min. Μετά τη φυγοκέντρωση, τα εκχυλίσματα διατηρήθηκαν μέσα σε ψυχρό υδατόλουτρο με πάγο. Από το υπερκείμενο της φυγοκέντρωσης των εκχυλισμένων ιστών χρησιμοποιήθηκαν οι κατάλληλες ποσότητες για τον προσδιορισμό του ολικού πρωτεϊνικού περιεχομένου και για τον προσδιορισμό της ενεργότητας των διαφόρων ενζύμων.

### 2.3 Μέτρηση ολικού πρωτεϊνικού περιεχομένου με τη μέθοδο Bradford

Ο προσδιορισμός του ολικού πρωτεϊνικού περιεχομένου στις βάσεις των μοσχευμάτων έγινε σύμφωνα με τη μέθοδο Bradford (1976). Η πρότυπη καμπύλη για τον υπολογισμό των δειγμάτων έγινε με τη χρήση πρότυπου διαλύματος γνωστής συγκέντρωσης ορού αλβουμίνης βοοειδών (Bovine Serum Albumin-BSA). Η ενεργότητα των ενζύμων εκφράστηκε σε Units  $\text{mg}^{-1}$  πρωτεΐνης, όπου τα  $\text{mg}$  πρωτεΐνης προκύπτουν από τη μέθοδο Bradford.

### 2.4 Μέτρηση της ενεργότητας των ενζύμων

#### 2.4.1 Πολυφαινολοξειδάση

Η μέτρηση της ενεργότητας της PPO έγινε σύμφωνα με τους Flurkey και Jen (1978). Σε τελικό όγκο 2,50 mL φωσφορικού ρυθμιστικού διαλύματος 50 mM pH 6,2 προστίθενται 0,2 M κατεχόλης και το υπερκείμενο της εκχύλισης των πρωτεϊνών. Η ενεργότητα της PPO μετριέται παρακολουθώντας τη μεταβολή της οπτικής πυκνότητας του διαλύματος κατά τη διάρκεια 2 min στο φασματοφωτόμετρο σε μήκος κύματος 420 nm. Το κενό διάλυμα περιέχει ρυθμιστικό διάλυμα και κατεχόλη. Η ενεργότητα του ενζύμου εκφράζεται σε Units  $\text{mg}^{-1}$  πρωτεΐνης, όπου 1 Unit ενζυμικής ενεργότητας ορίζεται ως η ποσότητα που παρήγαγε μεταβολή στην οπτική πυκνότητα κατά 0,01 ανά λεπτό.

#### 2.4.2 Υπεροξειδάση της γουαϊακόλης (*guaiacol*)

Η μέτρηση της ενεργότητας της POD έγινε σύμφωνα με τους Flurkey και Jen (1978). Σε τελικό όγκο 2,45 mL φωσφορικού ρυθμιστικού διαλύματος 50 mM pH 6,0 προστίθενται 0,5% w/v *guaiacol*, 0,1% v/v  $\text{H}_2\text{O}_2$  και το υπερκείμενο της εκχύλισης των πρωτεϊνών. Η ενεργότητα της POD μετριέται παρακολουθώντας τη μεταβολή της οπτικής πυκνότητας του διαλύματος κατά τη διάρκεια 3 min στο φασματοφωτόμετρο σε μήκος κύματος 470 nm. Το κενό διάλυμα περιέχει ρυθμιστικό διάλυμα και  $\text{H}_2\text{O}_2$ . Η ενεργότητα του ενζύμου εκφράζεται σε Units  $\text{mg}^{-1}$  πρωτεΐνης, όπου 1 Unit ενζυμικής ενεργότητας ορίζεται ως η ποσότητα που παρήγαγε μεταβολή στην οπτική πυκνότητα κατά 0,01 ανά λεπτό.



### 2.4.3 Οξειδάση του ινδολυλοξικού οξέος (*IAA oxidase*)

Η μέτρηση της ενεργότητας της IAA oxidase έγινε σύμφωνα με τους Liu et al. (1996). Σε 0,2 mL πρωτεϊνικού περιεχομένου προστέθηκαν 0,78 mL φωσφορικού ρυθμιστικού διαλύματος 50 mM pH 6,0, 0,01 mL 5 mM MnCl<sub>2</sub>, 0,01 mL 5 mM 2,4-dichlorophenol (DCP) και 0,02 mL 2,5 g L<sup>-1</sup> IAA. Μετά από παραμονή του διαλύματος στο σκοτάδι για 30 min στους 37 °C προστέθηκαν 2 mL αντιδραστηρίου Salkowski. Η καταστροφή του IAA καθορίστηκε από τη μέτρηση της απορρόφησης στο φασματοφωτόμετρο σε μήκος κύματος 535 nm μετά από 30 min. Η ενεργότητα του ενζύμου εκφράζεται σε μg IAA που καταστρέφονται μετά από 30 min ανά mg πρωτεΐνης.

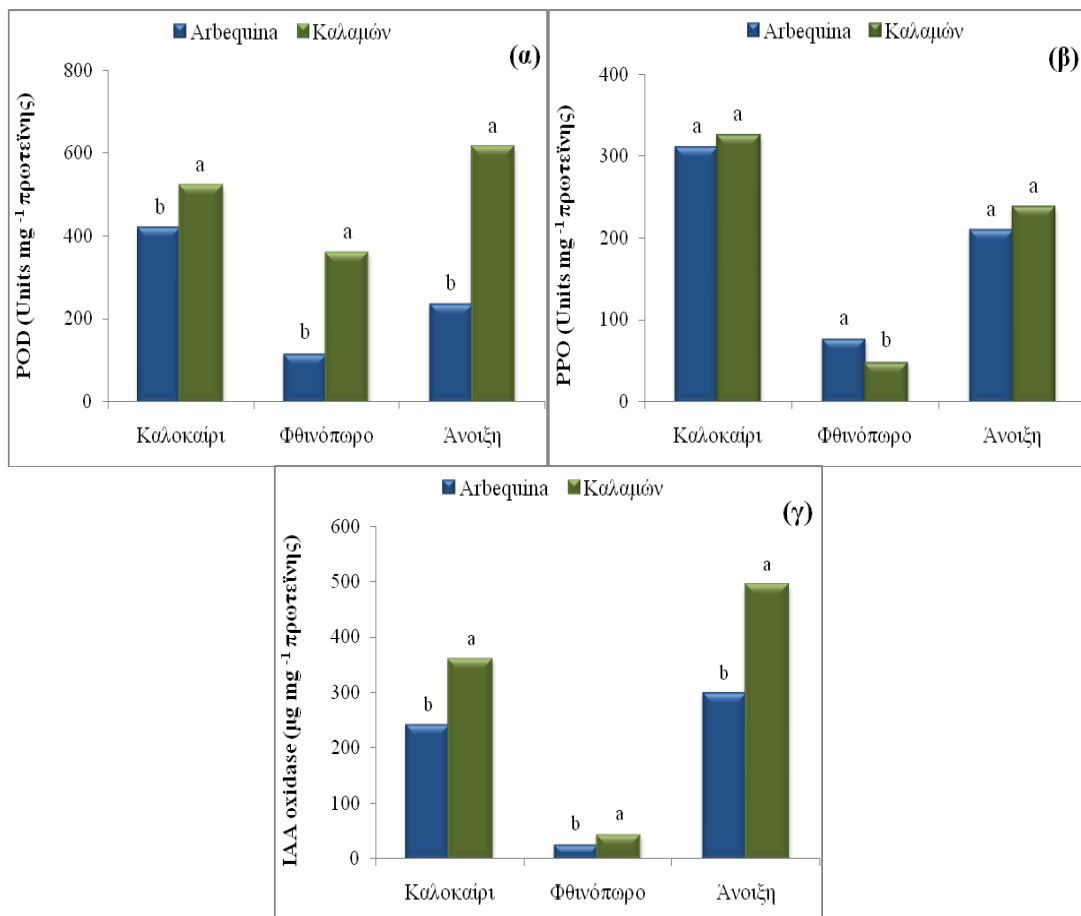
### 2.5 Στατιστική ανάλυση

Η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων έγινε με το στατιστικό πακέτο JMP 7 για τα Windows. Η ανάλυση που ακολουθήθηκε ήταν ανάλυση διασποράς για το παραγοντικό μέρος του πειράματος (Multi Factor ANOVA) με παράγοντες τις δύο ποικιλίες ('Arbequina' και 'Καλαμών'), τις ημέρες μετά τη φύτευση (0, 1, 3, 5, 7 και 15 ημέρες) και την ορμονική επέμβαση (IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> και μάρτυρας). Οι σημαντικές διαφορές βρέθηκαν χρησιμοποιώντας το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία του Tukey's HSD, σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$ . Τα αποτελέσματα παρουσιάζονται και περιγράφονται αναλυτικά σε πίνακες και σχεδιαγράμματα.

### 3. Αποτελέσματα

#### 3.1 Αρχική ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase

Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι γενικά τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν σημαντικά υψηλότερη αρχική ενεργότητα των ενζύμων POD και IAA oxidase (Σχεδ. 12α και 12γ). Εξάιρεση αποτελεί η PPO η οποία δεν παρουσίασε στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών την περίοδο του καλοκαιριού και της ανοίξεως, αν και στη περίπτωση αυτή η ενεργότητα της PPO ήταν λίγο υψηλότερη στην ποικιλία ‘Καλαμών’ (Σχεδ. 12β). Αναφορικά με την εποχή βρέθηκε ότι στην ποικιλία ‘Arbequina’ η ενεργότητα της POD και της PPO ήταν αυξημένη το καλοκαίρι (Σχεδ. 12α και 12β), ενώ η IAA oxidase την άνοιξη (Σχεδ. 12γ). Αντίθετα, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ η ενεργότητα της POD και της IAA oxidase ήταν ιδιαίτερα αυξημένη την άνοιξη (Σχεδ. 12α και 12γ), ενώ της PPO το καλοκαίρι (Σχεδ. 12β).



**Σχεδιάγραμμα 12.** Αρχική ενεργότητα ενζύμων (α-γ) στις τρεις πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.2 Ενεργότητα ενζύμων στην πορεία της ριζοβολίας

#### 3.2.1 Καλοκαίρι

Ο πίνακας 27 δείχνει ότι η ποικιλία και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά την ενεργότητα των ενζύμων, με εξαίρεση την PPO για την επίδραση της ποικιλίας. Αντίθετα, η επέμβαση με αυξίνη δεν επηρέασε σημαντικά την ενεργότητα των μετρούμενων ενζύμων. Η αλληλεπίδραση ημερών και ποικιλίας ήταν επίσης σημαντική για όλα τα ένζυμα. Οι αλληλεπιδράσεις της επέμβασης με IBA με τους άλλους παράγοντες (ποικιλία, ΗΜΦ) ήταν σημαντική μόνο για την POD, ενώ δεν υπήρξε αλληλεπίδραση για τα άλλα δύο ένζυμα. Τέλος, η αλληλεπίδραση των τριών παραγόντων ήταν επίσης σημαντική μόνο για την ενεργότητα της POD.

**Πίνακας 27.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

	Ενεργότητα Ενζύμων (Units mg <sup>-1</sup> πρωτεΐνης)		
	PPO	POD	IAA oxidase
<b>Ποικιλία</b>	ns	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	ns	ns	ns
<b>Ημέρες</b>	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	*	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	***	ns
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	***	ns

Επεξηγήσεις: \*, p<0,05 – \*\*, p<0,01 – \*\*\*, p<0,001 – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Στον πίνακα 28 παρατηρούμε ότι η ενεργότητα της POD και της IAA oxidase ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερες στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, ενώ η ενεργότητα της PPO δεν παρουσίασε διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών. Η επέμβαση με αυξίνη δεν επηρέασε σημαντικά την ενεργότητα των ενζύμων και των δύο ποικιλιών. Όσον αφορά την επίδραση των ημερών, ανεξαρτήτου επέμβασης και ποικιλίας, παρατηρούμε ότι η ενεργότητα της PPO ήταν αυξημένη τις πρώτες τρεις ημέρες της ριζοβολίας (0-3 ΗΜΦ). Η ενεργότητα της POD ήταν μέγιστη 15 ΗΜΦ και της IAA oxidase 3 ΗΜΦ.

Κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας παρατηρούμε διάφορες μεταβολές στην ενεργότητα όλων των ενζύμων (Σχεδ. 13α-13γ). Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ και για τις δύο επεμβάσεις είχαμε στατιστικά σημαντική αύξηση στην ενεργότητα όλων των ενζύμων 3 ΗΜΦ.

**Πίνακας 28.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

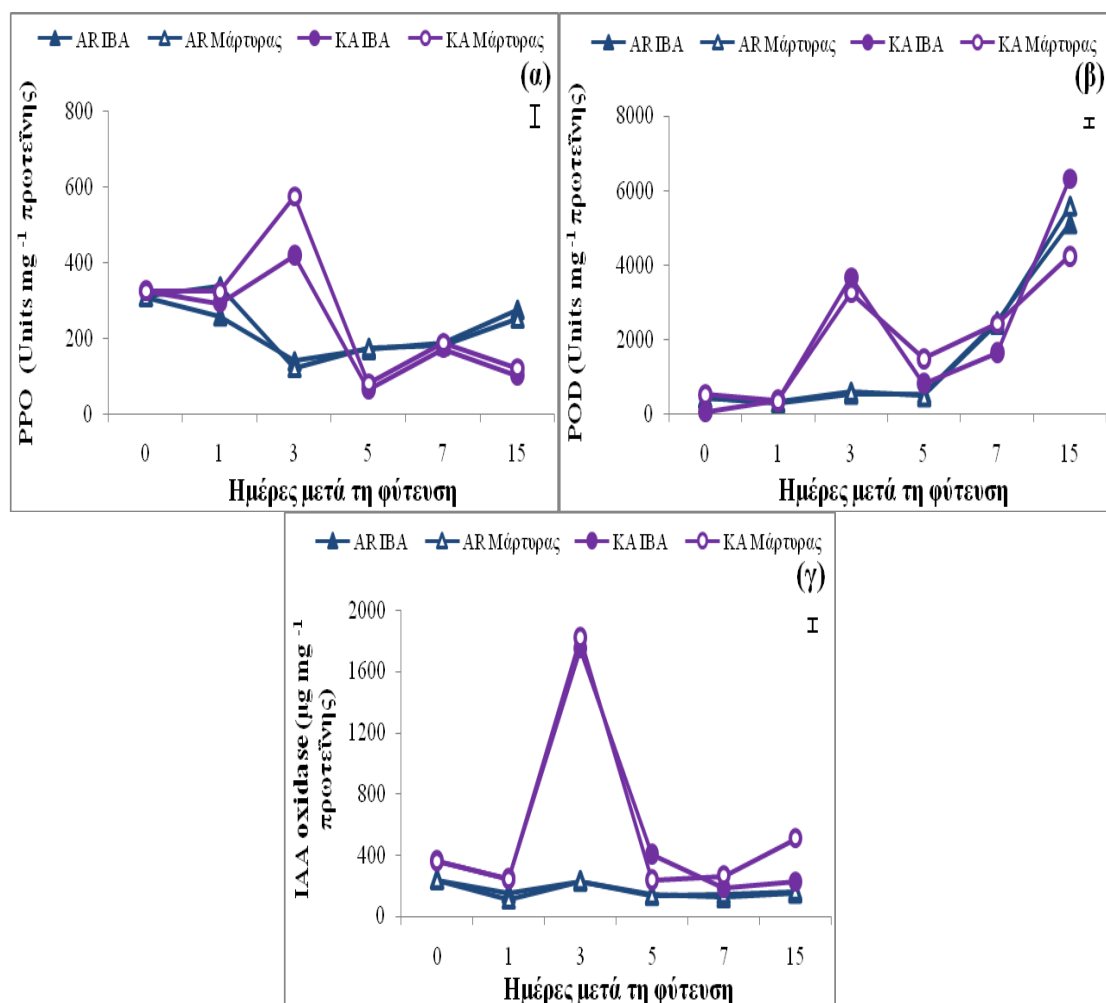
Παράμετρος	Ενεργότητα Ενζύμων (Units mg <sup>-1</sup> πρωτεΐνης)		
	PPO	POD	IAA oxidase
<b>Ποικιλία</b>			
Arbequina	226,45a	1591,19b	179,85b
Καλαμών	249,54a	2095,34a	549,32a
<b>Επεμβάσεις</b>			
Μάρτυρας	249,10a	1838,42a	372,17a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	226,89a	1887,11a	357,00a
<b>Ημέρες</b>			
0	317,29a	468,40c	298,74b
1	303,50a	330,50c	186,46b
3	314,15a	2006,87b	1006,55a
5	123,03b	827,19c	228,46b
7	182,30b	2241,61b	178,11b
15	187,69b	5302,54a	289,20b

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Πιο αναλυτικά, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ η ενεργότητα της PPO ήταν μέγιστη 3 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά (Σχεδ. 13α). Αντίθετα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ παρατηρήθηκε στατιστικά σημαντική μείωση της ενεργότητας της PPO 3 ΗΜΦ και στη συνέχεια παρατηρήθηκε μια μικρή αλλά σημαντική αύξηση χωρίς ωστόσο να φτάνει την ενεργότητα στην αρχή της ριζοβολίας (Σχεδ. 13α).

Όσον αφορά την POD (Σχεδ. 13β), στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, παρατηρήθηκε μια πρώτη στατιστικά σημαντική αύξηση στην ενεργότητα του ενζύμου 3 ΗΜΦ. Στη συνέχεια, 5 ΗΜΦ, παρατηρήθηκε σημαντική μείωση και τέλος μια δεύτερη σημαντική αύξηση στις 7 και 15 ΗΜΦ. Η τελευταία αυτή αύξηση ήταν μάλιστα σημαντικά μεγαλύτερη στην επέμβαση του IBA σε σχέση με το μάρτυρα. Στην ποικιλία ‘Arbequina’ η ενεργότητα της POD δεν εμφανίζει σημαντικές μεταβολές μέχρι την 5<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας. Την 7<sup>η</sup> ημέρα όμως αυξήθηκε σημαντικά και έφτασε στη μέγιστη τιμή 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 13β). Τέλος, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, η ενεργότητα της IAA oxidase αυξήθηκε στατιστικά σημαντικά 3 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά (Σχεδ. 13γ). Αντίθετα, στην

ποικιλία ‘Arbequina’ δεν υπήρχαν σημαντικές μεταβολές στην ενεργότητα του παραπάνω ενζύμου στην πορεία της ριζοβολίας.



**Σχεδιάγραμμα 13.** Μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων PPO (α), POD (β) και IAA oxidase (γ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.2.2 Φθινόπωρο

Σύμφωνα με τον πίνακα 29, οι μεμονωμένοι παράγοντες, ποικιλία, επέμβαση με αυξίνη και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά την ενεργότητα των ενζύμων. Ο ίδιος πίνακας δείχνει ότι υπήρξαν σημαντικές αλληλεπιδράσεις των δύο αλλά και των τριών παραγόντων μεταξύ τους με εξαιρέσεις την αλληλεπίδραση των παραγόντων ποικιλία με επέμβαση για την PPO και POD και αυτή των τριών παραγόντων για την PPO. Στον πίνακα 30 παρατηρούμε ότι η ενεργότητα της PPO, της POD και της IAA

oxidase ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’.

**Πίνακας 29.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

	<b>Ενεργότητα Ενζύμων (Units mg<sup>-1</sup> πρωτεΐνης)</b>		
	<b>PPO</b>	<b>POD</b>	<b>IAA oxidase</b>
<b>Ποικιλία</b>	*	**	***
<b>Επεμβάσεις</b>	*	***	***
<b>Ημέρες</b>	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	ns	***
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	***	***	***
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	***	***

Επεξηγήσεις: p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Τα μοσχεύματα του μάρτυρα και των δύο ποικιλιών είχαν αυξημένη ενεργότητα όλων των ενζύμων σε σχέση με αυτά που δέχτηκαν την εφαρμογή αυξίνης. Όσον αφορά τις μεταβολές των τιμών της ενεργότητας των ενζύμων στο χρόνο, ο πίνακας 30 δείχνει ότι υπήρξαν αυξομειώσεις της ενεργότητας για όλα τα ένζυμα και ότι τα ένζυμα PPO και POD έδειξαν τη μέγιστη τιμή τους 15 ΗΜΦ ενώ η IAA oxidase 5 ΗΜΦ.

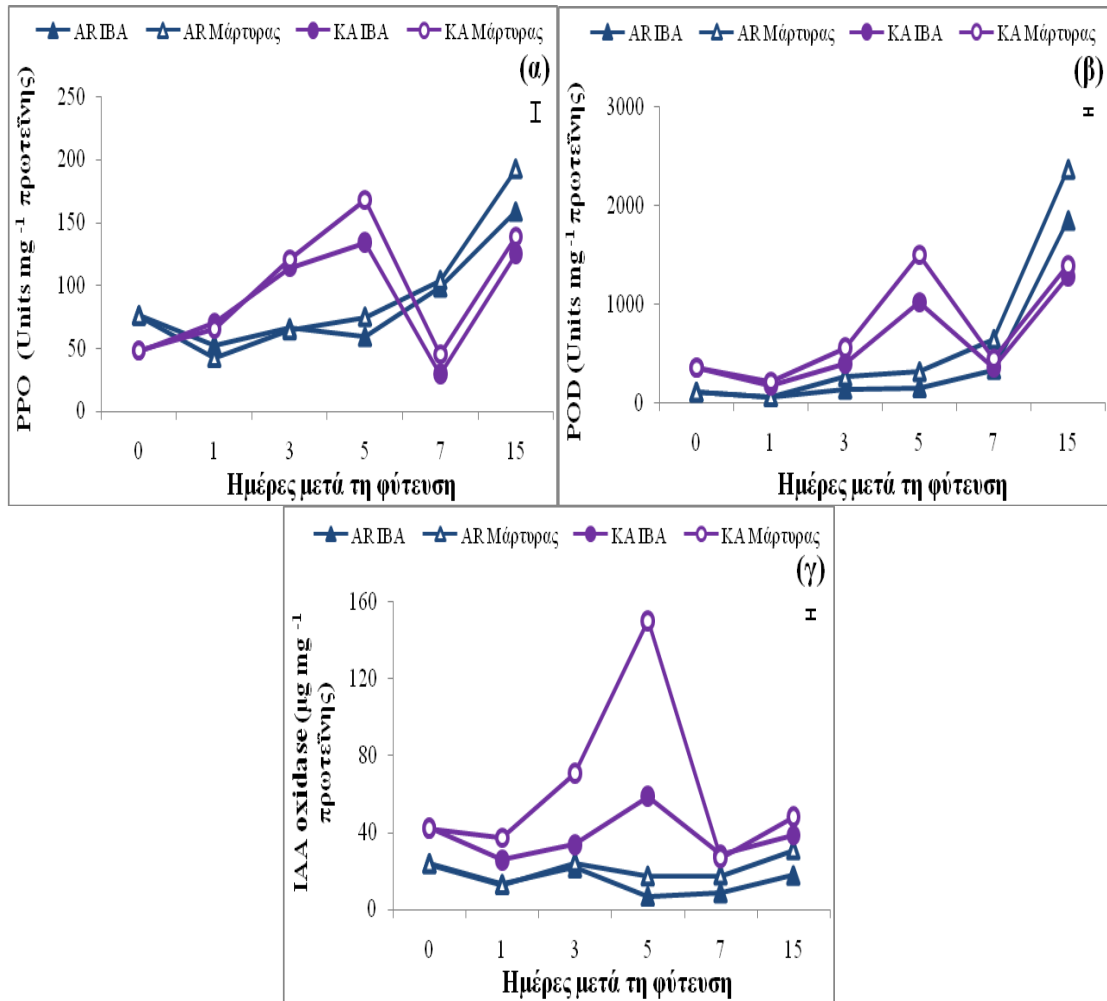
Κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας παρατηρήθηκαν αρκετές μεταβολές στην ενεργότητα όλων των ενζύμων (Σχεδ. 14α-γ). Η ενεργότητα της PPO στα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ ήταν αυξημένη αρχικά (0 ημέρες), στη συνέχεια μειώθηκε λίγο και από τις 7 ΗΜΦ αυξήθηκε σημαντικά, με τα μοσχεύματα του μάρτυρα να έχουν την υψηλότερη τιμή σε σύγκριση με την επέμβαση του IBA 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 14α). Επίσης, στην ποικιλία ‘Arbequina’ η ενεργότητα της POD είχε σημαντικές μεταβολές μέχρι την 5<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας. Την 7<sup>η</sup> ημέρα όμως αυξήθηκε σημαντικά και έφτασε στη μέγιστη τιμή 15 ΗΜΦ, με το μάρτυρα να έχει σημαντικά υψηλότερη τιμή σε σχέση με το IBA (Σχεδ. 14β). Η ενεργότητα της IAA oxidase στην ‘Arbequina’ ήταν αυξημένη 3 ΗΜΦ, στη συνέχεια 5 ΗΜΦ μειώθηκε σημαντικά και στις 15 ΗΜΦ αυξήθηκε και πάλι, με το μάρτυρα να έχει σημαντικά υψηλότερη τιμή σε σχέση με το IBA (Σχεδ. 14γ).

**Πίνακας 30.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

Παράμετρος	Ενεργότητα Ενζύμων (Units mg <sup>-1</sup> πρωτεΐνης)		
	PPO	POD	IAA oxidase
<b>Ποικιλία</b>			
Arbequina	88,76b	538,28b	18,11b
Καλαμών	91,90a	673,90a	50,22a
<b>Επεμβάσεις</b>			
Μάρτυρας	94,82a	689,71a	41,84a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	85,84b	522,47b	26,49b
<b>Ημέρες</b>			
0	61,80c	236,39de	32,99cd
1	57,49c	132,49e	22,20d
3	91,22bc	343,37cd	37,46b
5	108,86b	750,28b	58,15a
7	69,15c	450,44c	20,39d
15	153,46a	1723,55a	33,77bc

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Όσον αφορά την ποικιλία ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε μια πρώτη αύξηση στην ενεργότητα όλων των ενζύμων 3 ΗΜΦ που συνεχίστηκε μέχρι και την 5<sup>η</sup> ημέρα. Η αύξηση όμως ήταν πιο έντονη στην περίπτωση της IAA oxidase (Σχεδ. 14γ) που έφτασε τη μέγιστη τιμή της 5 ΗΜΦ, με το μάρτυρα να έχει σημαντικά υψηλότερη τιμή σε σχέση με το IBA (Σχεδ. 14γ). Μετά από μια προσωρινή αλλά σημαντική μείωση των τιμών στην ποικιλία ‘Καλαμών’ 7 ΗΜΦ η ενεργότητα όλων των ενζύμων αυξήθηκε και πάλι την τελευταία ημέρα των μετρήσεων. Τα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ και κυρίως ο μάρτυρας είχαν στατιστικά σημαντική αύξηση στην ενεργότητα της POD 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 14β). Αξιοσημείωτο είναι ότι η αύξηση της ενεργότητας της IAA oxidase που παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα του μάρτυρα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ την 5<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας ήταν 2,5 φορές μεγαλύτερη από αυτή της επέμβασης με IBA στην ίδια ποικιλία.



**Σχεδιάγραμμα 14.** Μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων PPO (α), POD (β) και IAA oxidase (γ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.2.3 Άνοιξη

Σύμφωνα με τον πίνακα 31, η ποικιλία και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά την ενεργότητα των ενζύμων. Η επέμβαση με αυξίνη ήταν σημαντική για τα ένζυμα PPO και IAA oxidase. Οι αλληλεπιδράσεις επίσης επέδρασαν σημαντικά στην ενεργότητα των ενζύμων POD και IAA oxidase, ενώ στην PPO σημαντική αλληλεπίδραση υπήρξε μόνο μεταξύ ποικιλίας και επεμβάσεων καθώς και μεταξύ ποικιλίας και ΗΜΦ.



**Πίνακας 31.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

	Ενεργότητα Ενζύμων (Units mg <sup>-1</sup> πρωτεΐνης)		
	PPO	POD	IAA oxidase
<b>Ποικιλία</b>	***	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	**	ns	***
<b>Ημέρες</b>	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	***	***	***
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	*	*	***
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	**	***	***

Επεξηγήσεις: p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Στον πίνακα 32 παρατηρούμε ότι η ενεργότητα της PPO, της POD και της IAA oxidase ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Τα μοσχεύματα του μάρτυρα και των δύο ποικιλιών είχαν αυξημένη ενεργότητα PPO και IAA oxidase σε σχέση με την εφαρμογή της αυξίνης, ενώ στην περίπτωση της POD δεν υπήρξε επίδραση της ορμονικής επέμβασης. Η ενεργότητα της PPO ήταν μέγιστη στις 0 και 3 ΗΜΦ, της POD στις 15 ημέρες και της IAA oxidase 5 ΗΜΦ. Γενικά οι τιμές των POD και IAA oxidase ήταν πολύ υψηλότερες από αυτές της PPO.

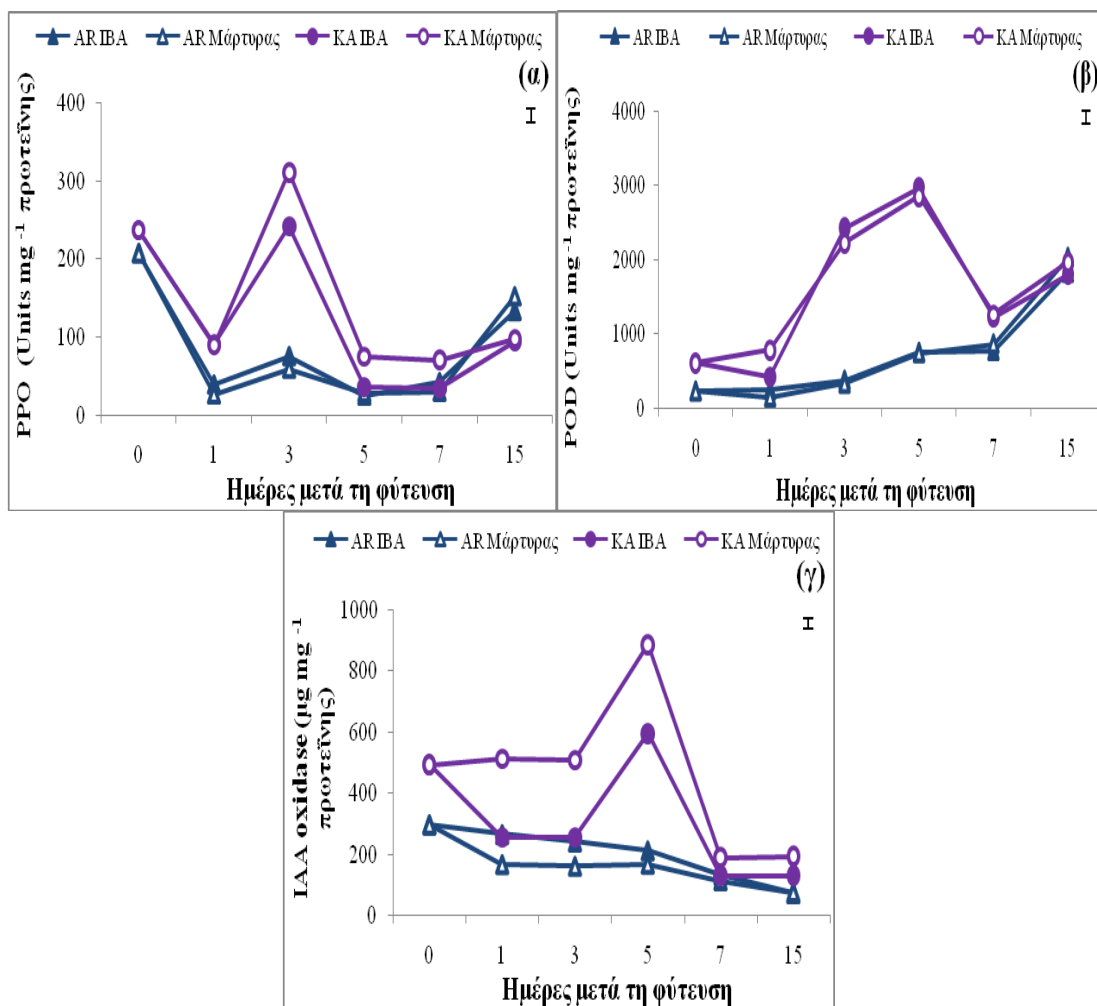
Το σχεδιάγραμμα 15α δείχνει ότι η ενεργότητα της PPO μειώθηκε σημαντικά 1 ΗΜΦ αλλά ακολούθησε μια δραστική αύξηση δύο ημέρες αργότερα στην ποικιλία ‘Καλαμών’, ενώ η αντίστοιχη αύξηση στην ‘Arbequina’ ήταν πολύ μικρότερη. Στη συνέχεια υπήρξε απότομη μείωση πάλι της ενεργότητας και στις δύο ποικιλίες με τάσεις αύξησης από τις 7 ημέρες και μετά.

**Πίνακας 32.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

Παράμετρος	Ενεργότητα Ενζύμων (Units mg <sup>-1</sup> πρωτεΐνης)		
	PPO	POD	IAA oxidase
<b>Ποικιλία</b>			
Arbequina	86,40b	715,29b	183,44b
Καλαμών	135,27a	1601,27a	362,08a
<b>Επεμβάσεις</b>			
Μάρτυρας	116,15a	1177,27a	313,92a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	105,51b	1139,28a	231,60b
<b>Ημέρες</b>			
0	222,86a	422,87c	394,66b
1	62,40c	403,66c	299,71c
3	172,45ab	1346,11b	291,48c
5	41,75c	1834,54ab	465,39a
7	45,14c	1034,58b	141,62d
15	120,39b	1907,91a	118,71d

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Η ενεργότητα της POD αυξήθηκε και στις δύο ποικιλίες από την 1<sup>η</sup> ημέρα μετά τη φύτευση (Σχεδ. 15β). Ο ρυθμός αύξησης όμως ήταν κατά πολύ υψηλότερος στην ποικιλία ‘Καλαμών’ ώστε η μέγιστη τιμή της (5 ΗΜΦ) να είναι τετραπλάσια της ‘Arbequina’. Στη συνέχεια παρατηρήθηκε μείωση στην ενεργότητα του ενζύμου στην ποικιλία ‘Καλαμών’ και μια δεύτερη σημαντική αύξηση αυτού 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 15β). Η IAA oxidase αυξήθηκε σημαντικά για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ 5 ΗΜΦ, ιδιαίτερα σε αυτά του μάρτυρα και στη συνέχεια παρατηρήθηκε μείωση της ενεργότητας του ενζύμου αυτού (Σχεδ. 15γ). Αντίθετα, στην ποικιλία ‘Arbequina’ η ενεργότητα της IAA oxidase ήταν αυξημένη στην αρχή της ριζοβολίας (0 μέρες) και στη συνέχεια ακολούθησε φθίνουσα πορεία.



**Σχεδιάγραμμα 15.** Μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων PPO (α), POD (β) και IAA oxidase (γ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

#### 4. Συζήτηση

Ο σημαντικός ρόλος της αυξίνης στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς έχει δειχθεί και αναπτυχθεί σε προηγούμενα κεφάλαια. Στο παρόν κεφάλαιο μελετήθηκαν οι μεταβολές στην ενεργότητα των ενζύμων (PPO, POD και IAA oxidase) στα πρώτα στάδια της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ελιάς. Είναι γνωστό ότι τα ένζυμα διαδραματίζουν καθοριστικό ρόλο στη ριζογένεση επειδή επηρεάζουν το μεταβολισμό των αυξινών είτε άμεσα είτε έμμεσα (Hartmann et al., 2001). Έχει επίσης παρατηρηθεί ότι είναι ιδιαίτερα σημαντική η παρουσία υψηλών συγκεντρώσεων αυξίνης κατά την αποδιαφοροποίηση των κυττάρων (Sagee et al., 1992; Gaspar et al., 1997). Στα μετέπειτα στάδια, της αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών, οι υψηλές συγκεντρώσεις της αυξίνης δρουν ανασταλτικά με αποτέλεσμα να κρίνεται απαραίτητο να μειωθούν οι συγκεντρώσεις της (Gaspar et al., 1997; Li et al., 2009). Συνεπώς, η δράση ορισμένων ενζύμων και κυρίως των οξειδοοδουκτασών (POD, PPO και IAA oxidase) μπορεί να συνεισφέρει σημαντικά στη ρύθμιση της συγκέντρωσης των αυξινών στην πορεία της ριζογένεσης.

Η σύγκριση των δύο ποικιλιών έδειξε ότι τα μοσχεύματα της δύσκολης για ριζοβολία ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν υψηλότερη ενεργότητα PPO, POD και IAA oxidase (Πίνακες 28, 30 και 32). Τα αποτελέσματα αυτά είναι όμοια με εκείνα άλλων ερευνητών που βρήκαν ότι η ενεργότητα των ενζύμων POD και IAA oxidase ήταν υψηλότερη στο δύσκολο προς ριζοβολία είδος *Grevillea petrophoides* σε σχέση με το εύκολο *Grevillea rondeau* (Ludwig-Muller, 2003). Ωστόσο, οι παραπάνω παρατηρήσεις έρχονται σε αντίθεση με τους Kose et al. (2010) σύμφωνα με τους οποίους παρατηρήθηκε αυξημένη ενεργότητα της POD και της IAA oxidase στα εύκολα για ριζοβολία είδη.

Επίσης, είναι αξιοσημείωτο ότι η μέγιστη αύξηση της ενεργότητας της PPO, της POD και της IAA oxidase στα φυλλοφόρα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ το καλοκαίρι ήταν τέσσερις, έξι και οκτώ φορές αντίστοιχα, υψηλότερη από αυτή των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ (Σχεδ. 13α-13γ). Το φθινόπωρο η ενεργότητα των παραπάνω ενζύμων ήταν τρεις, πέντε και εννιά φορές υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (Σχεδ. 14α-14γ), ενώ την άνοιξη τέσσερις φορές (Σχεδ. 15α-15γ). Από τα παραπάνω συμπεραίνεται ότι στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ η ιδιαίτερα υψηλή ενεργότητα των παραπάνω ενζύμων, ίσως να δρα ανασταλτικά έως παρεμποδιστικά της ριζοβολίας. Συνεπώς, η διαφορά μεταξύ των δύο ποικιλιών, όσον

αφορά την επίδραση των ενζύμων στη ριζοβολία, θα μπορούσε εν μέρει να δικαιολογήσει τη διαφορετική ικανότητα ριζοβολίας. Σε παρόμοιο συμπέρασμα για το ρόλο των παραπάνω ενζύμων στη ριζοβολία διαφόρων δασικών ειδών κατέληξαν και οι Bansal και Nanda (1981).

Είναι γνωστό ότι σχεδόν σε όλα τα στάδια της ριζογένεσης η δράση ορισμένων ενζύμων επηρεάζει θετικά ή αρνητικά τη διαδικασία σχηματισμού των τυχαίων ριζών, καθώς σύμφωνα με τους Tchinda et al. (2013) τα διάφορα βιοχημικά μονοπάτια κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας ελέγχονται από τις μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων. Στην παρούσα μελέτη η ενεργότητα των ενζύμων υπέστη αρκετές μεταβολές στην πορεία της ριζοβολίας (Σχεδ. 13, 14 και 15). Μεταβολές στην ενεργότητα των διαφόρων εμπλεκόμενων στη ριζογένεση ενζύμων κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας έχουν αναφερθεί για διάφορα φυτικά είδη όπως σε μοσχεύματα αμυγδαλιάς (Caboni et al., 1997), λεύκας (Gunes, 2000), αμπελιού (Kose et al., 2010) και σε φυτά του είδους *Grevillea* sp. (Ludwig-Muller, 2003).

Κατά τους Haissing (1972) και Gunes (2000) η POD επηρεάζει τη βιοσύνθεση των διαφόρων συνεργιστών ριζοβολίας οι οποίοι είναι απαραίτητοι για την έναρξη του σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων. Ο προσδιορισμός της ενεργότητας των ενζύμων στις βάσεις των μοσχευμάτων και των δύο ποικιλιών κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας έδειξε ότι η ενεργότητα της POD αυξήθηκε σημαντικά 15 ΗΜΦ σε όλες τις περιόδους (Σχεδ. 13β, 14β και 15β). Η αύξηση αυτή της POD συμπίπτει με την περίοδο αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών (Nag et al., 2001; Osterc et al., 2007). Τα αποτελέσματα αυτά συμφωνούν με προηγούμενες μελέτες στις οποίες βρέθηκε ότι η ενεργότητα της POD είναι μειωμένη κατά την έναρξη του σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων και μέγιστη κατά στο τέλος της αποδιαφοροποίησης των κυττάρων και στην αρχή της αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών (Gaspar et al., 1997; Vatulescu et al., 2004; Hatzilazarou et al., 2006; Husen, 2012; Tchinda et al., 2013). Επομένως, η αύξηση στην ενεργότητα της POD που παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' 3 ΗΜΦ την περίοδο του καλοκαιριού (Σχεδ. 2β) και 5 ΗΜΦ την περίοδο του φθινοπώρου και της ανοίξεως (Σχεδ. 3β και 4β), πιθανόν να συμβάλλει στη μείωση της αυξημένης συγκέντρωσης της αυξίνης όπως έχει προηγουμένως παρατηρηθεί από τους Megre et al. (2011) σε μοσχεύματα του γένους *Rhododendron* sp..

Σύμφωνα με τον Gunes (2000) η IAA oxidase εμπλέκεται στη ριζογένεση καθώς ελέγχει τον καταβολισμό του IAA και συνεπώς επηρεάζει άμεσα την εμφάνιση των ριζών στα μοσχεύματα. Ο προσδιορισμός της IAA oxidase στις βάσεις των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας έδειξε μια μικρή αύξηση αυτού την 3<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας και γενικά παρέμεινε σε χαμηλά επίπεδα (Σχεδ. 13γ και 14γ). Η χαμηλή ενεργότητα του ενζύμου αυτού στην ποικιλία ‘Arbequina’, πιθανόν συνετέλεσε στη διατήρηση της συγκέντρωσης του IAA σε ικανοποιητικά για την προώθηση της ριζοβολίας επίπεδα. Αντίθετα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ η ενεργότητα της IAA oxidase αυξήθηκε σημαντικά 3 ΗΜΦ και μετά μειώθηκε για την περίοδο του καλοκαιριού (Σχεδ. 13γ), ενώ το φθινόπωρο και την άνοιξη η ενεργότητα του ενζύμου αυξήθηκε σημαντικά 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε (Σχεδ. 14γ και 15γ). Παράλληλα, η αυξημένη ενεργότητα της IAA oxidase συνέπεσε με τη μέγιστη ενεργότητα της POD (Σχεδ. 13β, 13γ, 14β, 14γ, 15β και 15γ), της οποίας ορισμένα ισοένζυμα μπορούν να δράσουν ως IAA oxidase για τον έλεγχο της συγκέντρωσης της ενδογενούς αυξίνης (Caboni et al., 1997; Patel και Thaker, 2007). Επομένως, η συνδυαστική δράση των δύο παραπάνω ενζύμων πιθανόν συνέβαλλε στο γρήγορο καταβολισμό του IAA με αποτέλεσμα τη μείωση της συγκέντρωσης της ελεύθερης αυξίνης στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ σε τέτοιο επίπεδο που να μην ήταν επαρκές για την περαιτέρω προώθηση της ριζοβολίας στο στάδιο αυτό. Στο ίδιο συμπέρασμα κατέληξαν και οι Megre et al. (2011) όταν μελέτησαν το ρόλο της POD στις βάσεις των μοσχευμάτων σε φυτά του γένους *Rhododendron* sp. και οι Metaxas et al. (2004) σε μοσχεύματα *Arbutus unedo* and *Taxus baccata*.

Οι Qaddoury και Amssa (2003) αναφέρουν ότι η PPO έχει την ικανότητα να οξειδώνει το IAA κατά το στάδιο της αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών. Η οξείδωση του IAA από την PPO συμβάλλει στη ρύθμιση της συγκέντρωσης των πρόδρομων φαινολικών ουσιών που απαιτούνται για τη βιοσύνθεση της λιγνίνης κατά τη διάρκεια της ριζικής διαφοροποίησης (Tchinda et al., 2013). Επομένως με αυτόν τον τρόπο η PPO μπορεί να επηρεάσει την κυτταρική διαίρεση καθώς και το σχηματισμό και την ανάπτυξη των ριζικών καταβολών (Yilmaz et al., 2003). Στα αποτελέσματά της παρούσας εργασίας βλέπουμε ότι η ενεργότητα της PPO στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ήταν γενικά αυξημένη στα πρώτα στάδια της ριζογένεσης (Σχεδ. 13α, 14α και 15α). Η αυξημένη ενεργότητα του παραπάνω ενζύμου

έχει ως αποτέλεσμα τον καταβολισμό των ο-διφαινολών οι οποίες δρουν συνεργιστικά της ριζοβολίας, καθώς αποτελούν υπόστρωμα δράσης του ενζύμου IAA oxidase εναλλακτικό του IAA (Yilmaz et al., 2003). Επομένως, στη δύσκολη ποικιλία 'Καλαμών' η PPO, μέσω του πιο πάνω μηχανισμού, πιθανόν να δρα παρεμποδιστικά της ριζοβολίας. Παρόμοια αποτελέσματα για την PPO βρέθηκαν από τους Ebrahimzadeh και Abrishamchi (2001) σε φυτά *Crocus sativus*. Τέλος, η μειωμένη ενεργότητα της PPO στα πρώτα στάδια της ριζοβολίας (Σχεδ. 13α, 14α και 15α) που παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina', επιβεβαιώνει προηγούμενες μελέτες σε άλλα ξυλώδη είδη (*Vitis vinifera* και *Riciodendron heudelotii*) σύμφωνα με τις οποίες η αυξημένη ενεργότητα της PPO στο στάδιο αυτό επηρεάζει θετικά το σχηματισμό των ριζικών καταβολών (Yilmaz et al., 2003; Tchinda et al., 2013).

Όσον αφορά την επίδραση της εξωγενώς εφαρμοζόμενης αυξίνης στην ενεργότητα των ενζύμων τα αποτελέσματα είναι αντικρουόμενα. Σύμφωνα με τον Husen (2008) η εφαρμογή του IBA αύξησε την ενεργότητα της POD σε φυτά *Dalbergia sissoo* που παρουσιάζουν δυσκολία στον πολλαπλασιασμό τους. Επίσης, ο Rout (2006) παρατήρησε ότι η ενεργότητα της POD ήταν αυξημένη στα μοσχεύματα της *Camellia sinensis* που δέχτηκαν την εφαρμογή αυξίνης. Στην παρούσα μελέτη παρατηρούμε ότι την περίοδο του φθινοπώρου και της ανοίξεως τα μοσχεύματα του μάρτυρα είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη ενεργότητα PPO, POD και IAA oxidase σε σχέση με αυτά που δέχτηκαν την εφαρμογή της αυξίνης (Πίνακες 30 και 32). Τα αποτελέσματα αυτά συμφωνούν με εκείνα των Liu et al. (1996) και Cho et al. (2011) οι οποίοι παρατήρησαν σημαντική μείωση της ενεργότητας της POD από την εφαρμογή του IBA ή του NAA. Επιπλέον, ο Rout (2006) καθώς και ο Husen (2008) αναφέρουν σε εργασίες τους ότι η ενεργότητα της IAA oxidase ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα του μάρτυρα σε σχέση με αυτά που μεταχειρίστηκαν με αυξίνη. Αντιθέτως, οι Mato et al. (1986) όπως και οι Tchinda et al. (2013) δεν παρατήρησαν στατιστικά σημαντικές αλλαγές στην ενεργότητα της IAA oxidase μεταξύ των μοσχευμάτων του μάρτυρα και αυτών που δέχτηκαν την επέμβαση του IBA. Από τα παραπάνω συμπεραίνεται ότι η χαμηλή ενεργότητα της POD και της IAA oxidase κυρίως κατά το στάδιο της έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων που παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα που δέχτηκαν την εφαρμογή του IBA, είχε ως αποτέλεσμα την καλύτερη εξοικονόμηση ελεύθερης αυξίνης. Επομένως, στο στάδιο

αυτό της ριζογένεσης, η αυξημένη παρουσία της αυξίνης πιθανόν να επηρέασε θετικά και συνετέλεσε στα καλύτερα ποσοστά ριζοβολίας στα μοσχεύματα που εφαρμόστηκε αυξίνη.

Με βάση όλα τα παραπάνω οδηγούμαστε στο συμπέρασμα ότι τα ένζυμα παίζουν σημαντικό ρόλο στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς. Ειδικότερα, στην ποικιλία 'Arbequina' που ριζοβολεί εύκολα, η μειωμένη αρχικά δράση των ενζύμων φαίνεται να είναι προωθητική της ριζοβολίας. Το αντίθετο συμβαίνει στα μοσχεύματα της δύσκολης ποικιλίας 'Καλαμών' όπου η αυξημένη ενεργότητα των ενζύμων κυρίως στα αρχικά στάδια της ριζογένεσης ίσως να επηρέασε αρνητικά τη ριζοβολία. Επομένως, η αδυναμία των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' να ριζοβολήσουν μπορεί εν μέρει να οφείλεται στην αυξημένη ενεργότητα των οξειδοοξειδοκτασών που πιθανόν μειώνουν τα ενδογενή επίπεδα της φυσικής αυξίνης σε επίπεδο όχι επαρκές για την προώθηση της ριζοβολίας. Ωστόσο, δεν θα πρέπει να παραβλέψουμε την πιθανότητα οι ιστοί της 'Καλαμών' να μην είναι αρκετά ευαίσθητοι στο ερέθισμα της εξωγενούς εφαρμοζόμενης αυξίνης ή/και να είναι αρκετά έντονη η παρουσία διαφόρων άλλων ουσιών που δρουν παρεμποδιστικά της ριζοβολίας.



## 5. Συμπεράσματα

Στην παρούσα εργασία βλέπουμε ότι τα ένζυμα παίζουν σημαντικό ρόλο στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς. Τα μοσχεύματα της δύσκολης ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν υψηλότερη αρχική ενεργότητα POD και IAA oxidase. Επίσης, είναι αξιοσημείωτο ότι η μέγιστη αύξηση της ενεργότητας της PPO, της POD και της IAA oxidase στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ και τις τρεις περιόδους ήταν υπερτετραπλάσια από αυτή των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’, γεγονός που υποδηλώνει ότι στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ τα ένζυμα πιθανόν να δρουν ανασταλτικά έως παρεμποδιστικά της ριζοβολίας.

Ο προσδιορισμός της IAA oxidase στις βάσεις των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας έδειξε μια μικρή αύξηση αυτού την 3<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας και γενικά παρέμεινε σε χαμηλά επίπεδα. Η χαμηλή ενεργότητα του ενζύμου αυτού στην ποικιλία ‘Arbequina’, πιθανόν συνετέλεσε στη διατήρηση της συγκέντρωσης του IAA σε ικανοποιητικά για την προώθηση της ριζοβολίας επίπεδα. Αντιθέτως, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ η ενεργότητα της IAA oxidase αυξήθηκε σημαντικά στα πρώτα στάδια της ριζοβολίας. Η αύξηση αυτή μάλιστα συνέπεσε με τη μέγιστη τιμή ενεργότητας της POD την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου. Η συνδυαστική δράση των δύο παραπάνω ενζύμων πιθανόν να οδήγησε στο γρήγορο καταβολισμό του IAA με αποτέλεσμα τη μειωμένη συγκέντρωση ελεύθερης αυξίνης στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ και τελικά στην εμπόδιση της ριζοβολίας.

Η αύξηση της ενεργότητας της POD που παρατηρήθηκε και στις δύο ποικιλίες 15 ΗΜΦ συμπίπτει με το στάδιο αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών. Όσον αφορά την PPO η ενεργότητά της αυξήθηκε σημαντικά στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά τα πρώτα στάδια της ριζογένεσης. Η αύξηση αυτή φαίνεται να παίζει σημαντικό ρόλο καθώς το ένζυμο αυτό είναι υπεύθυνο για τον καταβολισμό των συνεργιστών ο-διφαινολών. Συνεπώς, η διαφορά αυτή μεταξύ των δύο ποικιλιών, όσον αφορά την ενεργότητα των ενζύμων θα μπορούσε εν μέρει να δικαιολογήσει τη διαφορετική ικανότητα ριζοβολίας των δύο ποικιλιών.

## 6. Βιβλιογραφία

- Bansal, M.P., Nanda, K.K., 1981. IAA oxidase activity in relation to adventitious root formation on stem cuttings of some forest tree species. *Experientia* 37, 1273-1274.
- Bradford, M.M., 1976. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dyebinding. *Analytical Biochemistry* 72, 248-254.
- Caboni, E., Lauri, P., Tonelli, M.G., Iacovacci, P., Damiano, C., 1997. Biochemical and molecular factors affecting *in vitro* rooting ability in almond, in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 117-124.
- Cho, H.Y., Chang, C.Y., Huang, L.C., Tsai, J.B., Liu, Z.H., 2011. Indole-3-butyric acid suppresses the activity of peroxidase while inducing adventitious roots in *Cinnamomum kanehirae*. *Botanical Studies* 52, 153-160.
- Ebrahimzadeh, H., Abrishamchi, P., 2001. Changes in IAA, phenolic compounds, peroxidase, IAA- oxidase and polyphenol oxidase in relation to flower formation in *Crocus sativus*. *Russian Journal of Plant Physiology, Fisiologia Rastanii* 48(2), 233-223.
- Fekete, S., Mandy, A., Stefanovits-Banyai, E., 2002. Change of peroxidase enzyme activities in annual cuttings during rooting. *Acta Biologica Szegediensis* 46(3-4), 29-31.
- Flurkey, H.W., Jen, J.J., 1978. Peroxidase and polyphenol oxidase activities in developing peaches. *Journal of Food Science* 43, 1826-1828.
- Gaspar, T., Kevers, C., Hausman, J.F., 1997. Indissociable chief factors in the inductive phase of adventitious rooting, in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 55-63.
- Gunes, T., 2000. Peroxidase and IAA oxidase activities during rooting in cuttings of three poplar species. *Turkish Journal of Botany* 24, 97-101.
- Haissig, B.E., 1972. Meristematic activity during adventitious root promordium development. Influences of endogenous auxin and applied gibberellic acid. *Plant Physiology* 49, 886-892.
- Hartmann, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T., Geneve, R.L., 2001. *Plant propagation principles and practices*. 5<sup>th</sup> Edn. Prentice-Hall, New Jersey.

- Hatzilazarou, S.P., Syros, T.D., Yupsanis, T.A., Bosabalidis, A.M., Economou, A.S., 2006. Peroxidases, lignin and anatomy during *in vitro* and *ex vitro* rooting of gardenia (*Gardenia jasminoides* Ellis) microshoots. *Journal of Plant Physiology* 163, 827-836.
- Hou, J.W., Guo, S.J., Wang, G.Y., 2010. Effects of *in vitro* subculture on the physiological characteristics of adventitious root formation in microshoots of *Castanea mollissima* cv. yanshanhong. *Journal of Forestry Research* 21(2), 155-160.
- Husen, A., 2008. Clonal propagation of *Dalbergia sissoo* Roxb. and associated metabolic changes during adventitious root primordium development. *New Forests* 36, 13-27.
- Husen, A., 2012. Changes of soluble sugars and enzymatic activities during adventitious rooting in cuttings of *Grewia optiva* as affected by age of donor plants and auxin treatments. *American Journal of Plant Physiology* 7(1), 1-16.
- Husen, A., Pal, M., 2007. Metabolic changes during adventitious root primordium development in *Tectona grandis* Linn. f. (teak) cuttings as affected by age donor plants and auxin (IBA and NAA) treatment. *New Forests* 33, 309-323.
- Kavrayan, D., Aydemir, T., 2001. Partial purification and characterization of polyphenoloxidase from peppermint (*Mentha piperita*). *Food Chemistry* 74, 147-154.
- Kochhar, S., Singh, S.P., Kochhar, V.K., 2008. Effect of auxins and associated biochemical changes during clonal propagation of the biofuel plant-*Jatropha curcas*. *Biomass and Bioenergy* 32(12), 1136-1143.
- Kose, C., Erdal, S., Kaya, O., Atici, O., 2011. Comparative evaluation of oxidative enzyme activities during adventitious rooting in the cuttings of grapevine rootstocks. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 91, 738-741.
- Leopold, A.C., Kriedemann, P.E., 1975. *Plant growth and development*. 2<sup>nd</sup> Edn. McGraw-Hill Inc, New York, pp. 109-135.
- Li, S.W., Xue, L., Xu, S., Feng, H., An, L., 2009. Mediators, genes and signalling in adventitious rooting. *Botanical Review* 75, 230-247.
- Liu, Z.H., Hsiao, I.C., Pan, Y.W., 1996. Effect of naphthaleneacetic acid on endogenous indole-3-acetic acid, peroxidase and auxin oxidase in hypocotyl

- cuttings of soybean during root formation. *Botanical Bulletin- Academia Sinica* 37(4), 247-253.
- Ludwig-Muller, T., 2003. Peroxidase isoenzymes as markers for the rooting ability of easy-to-root and difficult-to-root *Grevillea* species and cultivars of *Protea obtusifolia* (Proteaceae). *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant* 39, 377-383.
- Mato, M.C., Vieitez, A.M., 1986. Changes in auxin protectors and IAA oxidases during the rooting of chestnut shoots *in vitro*. *Physiologia Plantarum* 66, 491-494.
- Megre, D., Dokane, K., Kondratovics, U., 2011. Can changes in starch content and peroxidase activity be used as rooting phase markers for *Rhododendron* leaf bud cuttings? *Acta Biologica Cracoviensia* 53(1), 74-79.
- Metaxas, D., Syros, T., Yupsanis, T., Economou, A., 2004. Peroxidases during adventitious rooting in cuttings of *Arbutus unedo* and *Taxus baccata* as affected by plant genotype and growth regulator treatment. *Plant Growth Regulation* 44, 257-266.
- Nag, S., Saha, K., Choudhuri, M.A., 2001. Role of auxin and polyamines in adventitious root formation in relation to changes in compounds involved in rooting. *Journal of Plant Growth Regulation* 20, 182-194.
- Osterc, G., Štefančič, M., Solar, A., Štampar, F., 2007. Potential involvement of flavonoids in the rooting response of chestnut hybrid (*Castanea crenata* x *Castanea sativa*) clones. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 47, 96-102.
- Patel, D., Thaker, V., 2007. Role of cell wall stiffening enzymes in internode development of *Merremia Emarginata*. *General and Applied Plant Physiology* 33(1-2), 25-39.
- Qaddoury, A., Amssa, M., 2003. Endogenous phenolic contents, peroxidase and polyphenoloxidase activities in date Palm offshoots (*Phoenix dactylifera* L.) related to rooting. *Acta Physiologiae Plantarum* 25, 171-175.
- Qaddoury, A., Amssa, M., 2004. Effect of exogenous indole butyric acid on root formation and peroxidase and indole-3-acetic acid oxidase activities and phenolic contents in date Palm offshoots. *Botanical Bulletin- Academia Sinica* 45, 127-131.
- Rout, G.R., 2006. Effect of auxins on adventitious root development from single node cuttings of *Camellia sinensis* (L.) Kuntze and associated biochemical changes. *Plant Growth Regulation* 48, 111-117.

- Sagee, O., Raviv, M., Medina, Sh., Becker, D., Cosse, A., 1992. Involvement of rooting factors and free IAA in the rootability of citrus species stem cuttings. *Scientia Horticulturae* 51(3-4), 187-195.
- Shinshi, H., Noguchi, M., 1975. Relationships between peroxidase, IAA oxidase and polyphenol oxidase. *Phytochemistry* 14, 1255-1258.
- Srivastava, Om., van Huystee, R.B., 1977. IAA oxidase and polyphenol oxidase activities of peanut peroxidase isozymes. *Phytochemistry* 16, 1527-1530.
- Swarnkar, P.L., Tyagi, V., 1997. Peroxidase in tissues cultured *in vitro*, In: Siddiqui, B.A., Khan, S. (Eds), *Plant Breeding advances and in vitro culture*. CBS Publishers and Distributors, New Delhi, India, pp. 300-312.
- Tchinda, N.D., Messi, H.J., Fotso, Nzweundji, G., Oumar, D., Dongmo, B., Sanonne, Agbor, G.A., Ndoumou, D.O., 2013. Biochemical aspects of single-node cuttings of *Ricinodendron heudelotii* (Baill.) in relation with rooting. *African Journal of Biotechnology* 12(10), 1049-1056.
- Vatulescu, A.D., Fortunato, A.S., Sa, M.C., Amancio, S., Ricardo, C.P.P., Jackson, P.A., 2004. Cloning and characterization of a basic IAA oxidase associated with root induction in *Vitis vinifera*. *Plant Physiology and Biochemistry* 42, 609-615.
- Yilmaz, H., Taskin, T., Otludil, B., 2003. Polyphenol oxidase activity during rooting in cuttings of Grape (*Vitis vinifera* L.) varieties. *Turkish Journal of Botany* 27, 495-498.

# 4

## Ο ρόλος των φαινολικών ουσιών στη ριζοβολία των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς

### Περίληψη

Στόχος του παρόντος κεφαλαίου ήταν η διερεύνηση του ρόλου των ενδογενών φαινολικών ενώσεων στην ικανότητα ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς των ποικιλιών ‘Καλαμών’ και ‘Arbequina’. Πραγματοποιήθηκε ανάλυση και μέτρηση των ενδογενών φαινολικών ενώσεων φασματοφωτομετρικά και με τη χρήση HPLC στις 0, 1, 3, 5, 7 και 15 ΗΜΦ και τα αποτελέσματα συσχετίστηκαν με αυτά της ριζοβολίας των μοσχευμάτων. Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν υψηλότερη αρχική συγκέντρωση ολικών φαινολικών ενώσεων το καλοκαίρι και την άνοιξη και ολικών ο-διφαινολών το φθινόπωρο και την άνοιξη. Η συγκέντρωση των ολικών φλαβονοειδών ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ το φθινόπωρο και σημαντικά μειωμένη την άνοιξη. Η συγκέντρωση των ολικών φλαβονολών ήταν σημαντικά υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ το φθινόπωρο, ενώ τις άλλες εποχές δεν παρατηρήθηκαν στατιστικά σημαντικές διαφορές. Επίσης, βρέθηκε αρνητική συσχέτιση μεταξύ των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών φαινολικών ενώσεων και της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’. Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε η ύπαρξη θετικής συσχέτισης μεταξύ της ριζοβολίας και των ολικών ο-διφαινολών και αρνητική συσχέτιση με τη συγκέντρωση των ολικών φλαβονοειδών.

Τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη αρχική συγκέντρωση τυροσόλης, χλωρογενικού οξέος, 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης, ρουτίνης, κερκετίνης και λουτεολίνης το καλοκαίρι και το φθινόπωρο. Αντιθέτως, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ παρουσίασαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση βερμπασκοζίτη το φθινόπωρο και την άνοιξη. Επίσης, παρατηρήθηκε θετική συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Arbequina’ και της αρχικής συγκέντρωσης της υδροξυτυροσόλης, της τυροσόλης, του

7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και της λουτεολίνης. Τέλος, βρέθηκε θετική συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ και της αρχικής συγκέντρωσης του βερμπασκοζίτη και της ελευρωπαΐνης. Συμπεραίνεται ότι οι φαινολικές ουσίες πιθανόν να δρουν ως συνεργιστές της ριζοβολίας, προστατεύοντας και προωθώντας τη δράση της ενδογενούς φυσικής αυξίνης.

## 1. Εισαγωγή

Για να κατανοήσουμε τη διαδικασία της ριζοβολίας είναι απαραίτητο να προσδιορίσουμε τις χημικές ενώσεις που παίζουν ρόλο στην κυτταρική αποδιαφοροποίηση καθώς επίσης και στη διαίρεση και αύξηση των κυττάρων. Επίσης, είναι σημαντικό να συσχετίσουμε τις ενώσεις αυτές και τις μεταβολές στις συγκεντρώσεις τους με τις μεταβολικές διεργασίες που λαμβάνουν χώρα κατά τη ριζογένεση. Οι διάφορες ουσίες που επηρεάζουν τις μεταβολικές διεργασίες της ριζογένεσης είναι οι φυτορυθμιστικές ουσίες, οι υδατάνθρακες και οι αζωτούχες ενώσεις, κατηγορίες χημικών ενώσεων μερικές εκ των οποίων εξετάσαμε στα επιμέρους κεφάλαια. Πέρα όμως από τις προαναφερόμενες κατηγορίες υπάρχουν και οι συνεργιστικές στη ριζοβολία ενώσεις, οι οποίες δρουν συνεργιστικά με τις αυξίνες και μπορούν να προωθήσουν τη ριζοβολία ή να αυξήσουν τον αριθμό των ριζών ή ακόμη να επιταχύνουν τον χρόνο εμφάνισής τους. Στην κατηγορία των συνεργιστικών ουσιών ριζοβολίας ανήκουν μεταξύ άλλων και οι φαινολικές ενώσεις.

Με τον όρο φαινολικές ενώσεις αναφερόμαστε στην ομάδα των χημικών ενώσεων που στο μόριό τους φέρουν μία ή περισσότερες υδροξυλικές ομάδες με ένα βενζολικό δακτύλιο. Οι φαινολικές ενώσεις είναι οι δευτερογενείς μεταβολίτες που συντίθενται κυρίως μέσω της μεταβολικής οδού του σικιμικού οξέος (Taiz και Zeiger, 2006; Vermerris και Nicholson, 2006). Το σικιμικό οξύ αποτελεί ενδιάμεσο μεταβολίτη, προϊόν δύο ενδιάμεσων υδατανθράκων από τη γλυκόλυση και τον κύκλο των φωσφοροπεντοζών. Οι περισσότερες φαινολικές ενώσεις προέρχονται από το αρωματικό αμινοξύ φαινυλαλανίνη από την οποία παράγεται, μέσω απαμίνωσης, το κινναμικό οξύ με τη δράση του ενζύμου φαινυλαλανίνη αμμωνία λυάση (PAL: EC 4.3.1.5) (Vermerris και Nicholson, 2006). Από το μονοπάτι αυτό με την προσθήκη μιας υδροξυλομάδας ή και άλλων υποκαταστατών προκύπτουν φαινολικές ενώσεις όπως το κινναμικό οξύ, το p-κουμαρικό οξύ αλλά και παράγωγα αυτών όπως το καφεϊκό οξύ.

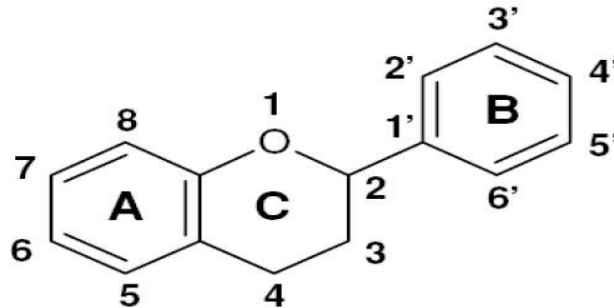
Οι φαινολικές ενώσεις αποτελούν την περισσότερο μελετημένη ομάδα δευτερογενών μεταβολιτών κυρίως λόγω του σημαντικού ρόλου που διαδραματίζουν στις οικολογικές αλληλεπιδράσεις (Batish et al., 2008). Πρόκειται για μια πολυάριθμη χημική ετερογενή ομάδα (10.000 περίπου μέλη) που περιλαμβάνει από απλά φαινολικά οξέα έως πολύπλοκα πολυμερή ευρέως διαδεδομένα στους φυτικούς ιστούς και όργανα. Ο ρόλος των φαινολικών ενώσεων ποικίλει ανάλογα με τη χημική τους



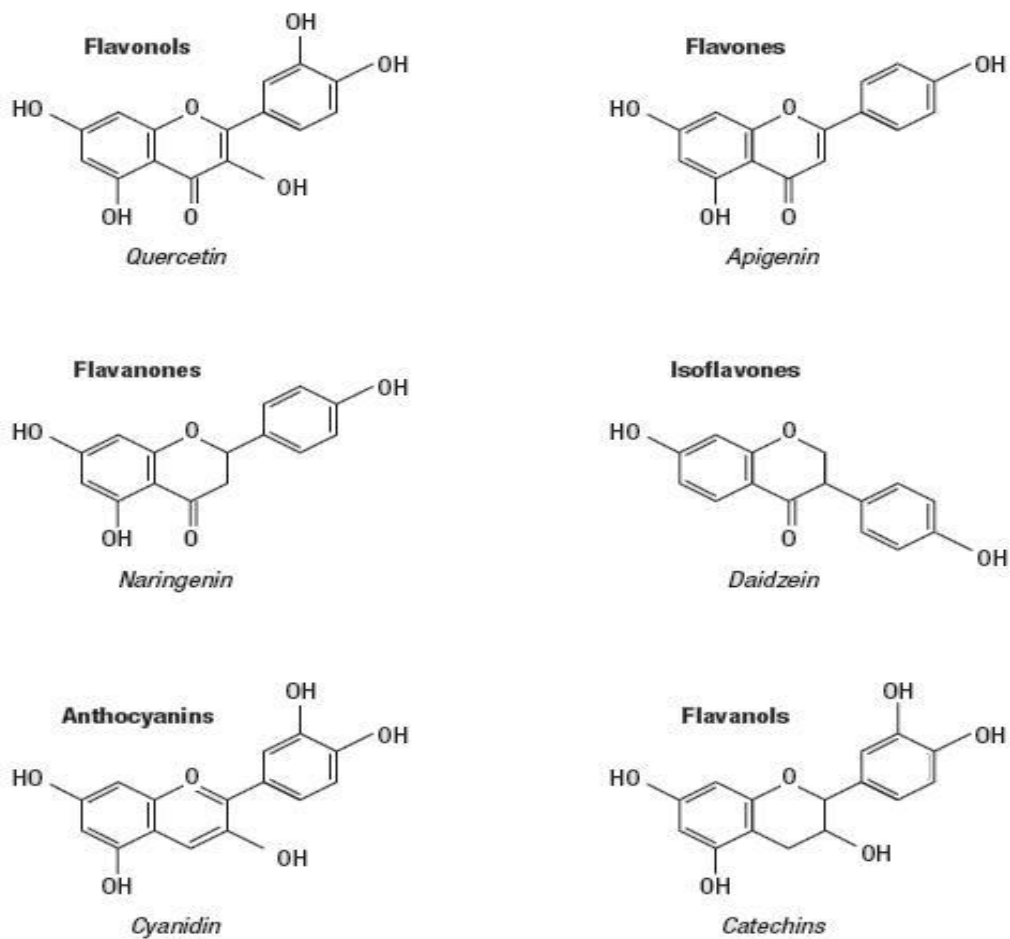
δομή και περιλαμβάνει την προστασία από βιοτικούς (παθογόνα, φυτοφάγα) και αβιοτικούς παράγοντες καταπόνησης (υπεριώδης ακτινοβολία), την αλληλοπάθεια κ.α. (Jones και Hartley, 1999). Επίσης, σε διάφορες μελέτες έχει βρεθεί ότι οι φαινολικές ενώσεις επηρεάζουν τη φωτοσυνθετική ικανότητα των φυτών, τη σύνθεση των πρωτεϊνών, προκαλούν μεταβολές στην ενεργότητα των ενζύμων, διαταράσσουν τη διαπερατότητα των μεμβρανών κ.ά. (Batish et al., 2008).

Η ταξινόμησή τους γίνεται με βάση τον αριθμό και τη διάταξη των αρωματικών δακτυλίων που φέρουν στο μόριό τους. Έτσι προκύπτουν οι απλές φαινόλες που ονομάζονται φαινυλο-προπανοειδή και φέρουν έναν αρωματικό δακτύλιο και οι πολυφαινόλες οι οποίες έχουν δύο ή περισσότερους ενωμένους φαινολικούς υποκαταστάτες. Οι πολυφαινόλες διακρίνονται ανάλογα με τη βασική τους χημική δομή σε κατηγορίες όπως τα φλαβονοειδή, τα φαινολικά οξέα, τις φαινολικές αλκοόλες, τις λιγνίνες και τα στυλβένια (D'Archivio et al., 2007). Επίσης υπάρχει και η κατηγορία των σεκοϊριδοειδών ενώσεων που απαντώνται αποκλειστικά στα φυτά της οικογένειας *Oleaceae* και περιλαμβάνει ενώσεις όπως η ελευρωπαΐνη και ο λιγκστροζίτης (Silva et al., 2006; Di Donna et al., 2007). Τα σεκοϊροειδή είναι ενώσεις που προέρχονται από το δευτερογενή μεταβολισμό των τερπενίων και είναι πρόδρομες ενώσεις πολλών αλκαλοειδών (Silva et al., 2006).

Τα φλαβονοειδή αποτελούν μια από τις μεγαλύτερες υποομάδες φαινολικών ενώσεων με 15 άτομα άνθρακα στο μόριό τους και βασική δομή C<sub>6</sub>-C<sub>3</sub>-C<sub>6</sub> δηλαδή δύο αρωματικούς δακτυλίους, οι οποίοι ενώνονται μεταξύ τους με μια γέφυρα τριών ανθράκων (Martens και Mithöfer, 2005) (Σχήμα 2). Παράγονται μέσω της συνεργασίας δύο μεταβολικών οδών του σικιμικού οξέος (ο αρωματικός δακτύλιος B και η γέφυρα των τριών ατόμων άνθρακα) και του μαλονικού οξέος (τα έξι άτομα άνθρακα του δακτυλίου A). Τα φλαβονοειδή κατατάσσονται σε έξι επιμέρους κατηγορίες με βάση το βαθμό οξειδωσης της C<sub>3</sub> γέφυρας: τις ανθοκυανιδίνες, τις φλαβονόλες, τις φλαβόνες, τις φλαβανόνες, τις ισοφλαβόνες και τις φλαβανόλες (κατεχίνες και προανθοκυανιδίνες) (Skerget et al., 2005; D'Archivio et al., 2007; Crozier et al., 2009) (Σχήμα 3).



Σχήμα 2. Δομή φλαβονοειδών ενώσεων (Martens και Mithöfer, 2005)



Σχήμα 3. Χημική δομή κυριότερων κατηγοριών φλαβονοειδών ενώσεων (D'Archivio et al., 2007)

Σύμφωνα με διάφορες μελέτες οι φαινολικές ενώσεις έχουν καθοριστικό ρόλο στη ριζογένεση. Μερικές φαινολικές ενώσεις προωθούν τη ριζοβολία ενώ άλλες όχι. Ωστόσο, πολλές εργασίες αναφέρουν ότι ο ρόλος ορισμένων φαινολικών ουσιών είναι

παρεμποδιστικός της ριζοβολίας (Osterc et al., 2007). Ο ρόλος των φαινολικών ενώσεων στη ριζοβολία εντοπίζεται κυρίως στην προώθηση της δράσης της αυξίνης δια μέσου της παρεμπόδισης της IAA oxidase και συνεπακόλουθα στην προστασία του IAA (Lavee et al., 1994). Οι ο-διφαινόλες ως ευοξειδωτές ενώσεις, οι p-διφαινόλες, οι κουμαρίνες και οι πολυφαινόλες θεωρείται ότι προστατεύουν το IAA από την οξείδωση ιδιαίτερα κατά τα πρώτα στάδια της ριζογένεσης (Trobac et al., 2005). Επίσης μερικές φαινολικές ενώσεις επηρεάζουν άμεσα το σχηματισμό των τυχαίων ριζών προωθώντας τη σύνθεση των αυξινών αλλά και επιδρώντας στη σύζευξή τους με τις αυξίνες σχηματίζοντας σύμπλοκα αυξίνης-φαινολικών ενώσεων, τα οποία είναι πιο ενεργά στην επαγωγή της ριζογένεσης απ' ότι η ελεύθερη αυξίνη (Englert et al., 1991). Τα παραπάνω σύμπλοκα σχηματίζονται από την οξείδωση των φαινολικών ενώσεων πιθανόν με τη δράση του ενζύμου πολυφαινολοξειδάση (PPO).

Επίσης οι Lee και Skoog (1965) παρατήρησαν ότι οι φαινολικές ενώσεις μπορούν να μεταβάλλουν τη συγκέντρωση του IAA είτε δρώντας οι ίδιες ως αυξίνες ή διαμέσου των ενζυμικών αντιδράσεων. Συγκεκριμένα έχει παρατηρηθεί ότι τα φαινολικά και κυρίως τα βενζοϊκά οξέα δρουν είτε ως συνεργιστές της IAA oxidase για την οξείδωση του IAA ή ως ανταγωνιστές παρεμποδίζοντας τη δράση του παραπάνω ενζύμου (Batish et al., 2008). Επίσης, οι Nag et al. (2001) κατέληξαν στο συμπέρασμα ότι διάφορες φαινολικές ενώσεις δρουν συνεργιστικά της αυξίνης στο στάδιο έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχηγόνων. Αντιθέτως, άλλες φαινολικές ενώσεις όπως οι μονοφαινόλες και οι m-διφαινόλες δρουν παρεμποδιστικά της ριζοβολίας είτε γιατί δρουν ως συνεργιστές του ενζύμου IAA oxidase διεγείροντας την οξείδωση του IAA ή προάγουν την καρβοξυλίωση του IAA, αμφότερες διαδικασίες οι οποίες συντελούν στη μείωση της ενδογενούς αυξίνης (Volpert et al., 1995; Trobac et al., 2005).

Έχει βρεθεί ότι οι φαινολικές ενώσεις και κυρίως το χλωρογενικό οξύ αυξάνονται στο σημείο τραυματισμού στη βάση των μοσχευμάτων καστανιάς (*Castanea crenata* x *Castanea sativa*) ως αντίδραση στον τραυματισμό (Osterc et al., 2008). Αυτό έχει ως αποτέλεσμα την αύξηση της βιοσύνθεσης της λιγνίνης, της σουπερίνης και άλλων φαινολικών ουσιών, οι οποίες δρουν ως αμυντικοί μηχανισμοί των φυτών (Osterc et al., 2008). Ωστόσο, ο ρόλος της εναπόθεσης της λιγνίνης στην περιοχή της ριζογένεσης δεν έχει ακόμα μελετηθεί πολύ και πιθανόν να χρησιμεύει στην υποστήριξη της ανάπτυξης των νέων ριζών.

Σε πολλές εργασίες γίνεται αναφορά στο γεγονός ότι οι φαινολικές ενώσεις προωθούν την πολική μεταφορά των αυξινών. Μεταξύ αυτών των φαινολικών ενώσεων βρίσκονται πολλές φλαβονοειδείς ενώσεις, όπως η κερκετίνη-3-ραμνόςζη και η διϋδροξυ-κερκετίνη (Osterc et al., 2007) και ίσως αυτές να παίζουν σημαντικό ρόλο στη ριζοβολία. Ωστόσο, δεν έχει εξακριβωθεί ακόμα ποιές ακριβώς φαινολικές ενώσεις είναι σημαντικές στη ριζοβολία (Osterc et al., 2007). Οι Osterc et al. (2004), αναφέρουν ότι η παρουσία κερσιτρίνης και 3-D-γλυκοζίτη της κερκετίνης στα φύλλα μοσχευμάτων καστανιάς είχε θετική επίδραση στη ριζοβολία. Επίσης, σύμφωνα με τους Faivre-Rampant et al. (2002) τα μοσχεύματα με αυξημένα τα ενδογενή επίπεδα κατεχόλης ριζοβόλησαν σε υψηλότερα επίπεδα, ενώ άλλοι ερευνητές καταλήγουν ότι η κατεχόλη δρα παρεμποδιστικά (Maynard και Bassuk, 1990). Σε μοσχεύματα του υποκειμένου της κερασιάς 'Gisela 5' η παρουσία της κατεχόλης δε φαίνεται να έχει καμία επίδραση στη ριζοβολία, σε αντίθεση με τη ρουτίνη της οποίας η συγκέντρωση βρέθηκε αυξημένη στα μοσχεύματα που ριζοβόλησαν σε υψηλότερο ποσοστό (Trobac et al., 2005; Osterc et al., 2007). Αντιθέτως, οι Faivre-Rampant et al. (2002) δεν επαλήθευσαν την εμπλοκή της ρουτίνης στο σχηματισμό των τυχαίων ριζών. Σύμφωνα με τους Bais et al. (2003) η κατεχίνη είναι ισχυρός παρεμποδιστής της ριζοβολίας και προκαλεί θάνατο των ριζικών κυττάρων δια μέσου της οξειδωσης σε διάφορα φυτικά είδη. Τέλος, οι Curir et al. (1993) παρατήρησαν ότι τα μοσχεύματα *Chamaelaucium uncinatum* που είχαν αυξημένα ενδογενή επίπεδα κινναμικού οξέος ριζοβόλησαν σε χαμηλά επίπεδα που το απέδωσαν στο ότι το φαινολικό αυτό οξύ αποτελεί ισχυρό παρεμποδιστή της ριζοβολίας.

Σκοπός στο παρόν κεφάλαιο ήταν να μελετήσουμε: α) την επίδραση των ενδογενών φαινολικών ενώσεων και των μεταβολών στις συγκεντρώσεις αυτών κατά τα πρώτα στάδια της ριζογένεσης των μοσχευμάτων της ελιάς και β) να διερευνήσουμε την ύπαρξη τυχόν συσχέτισης μεταξύ των μετρούμενων φαινολικών ενώσεων και του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς.

## 2. Υλικά και μέθοδοι

Η διαδικασία κοπής των μοσχευμάτων, η προετοιμασία και η φύτευση περιγράφονται αναλυτικά στο Κεφάλαιο 1. Από τα μοσχεύματα που εγκαταστάθηκαν στη μονάδα της υδρονέφωσης έγινε δειγματοληψία στις μηδέν, μία, τρεις, πέντε, επτά και δεκαπέντε ΗΜΦ για την ανάλυση και μέτρηση των φαινολικών ουσιών, με σκοπό τη μελέτη των αρχικών συγκεντρώσεων και των πιθανών αλλαγών στη συγκέντρωση των φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας. Ο τρόπος δειγματοληψίας των μοσχευμάτων περιγράφεται στο Κεφάλαιο 1, ενώ η εκχύλιση των φαινολικών ουσιών και η ανάλυση αυτών περιγράφονται αναλυτικά πιο κάτω.

### 2.1 Εκχύλιση και μέτρηση των φαινολικών ουσιών

- Ζυγίζονται 100 mg ξηρής ουσίας από κάθε δείγμα (χρήση ζυγού ακριβείας, KERN 410).
- Προστίθενται 5 mL πετρελαϊκού αιθέρα.
- Γίνεται καλή ανάδευση του δείγματος και παραμονή του αιωρήματος επί 5 λεπτών σε ηρεμία.
- Ακολουθεί φυγοκέντρωση για 6 min στα 4000 rpm και απομάκρυνση του πετρελαϊκού αιθέρα.
- Στο στερεό υπόλειμμα προστίθενται 2 x 2,5 mL 75% v/v αιθυλική αλκοόλη (τελικός όγκος 5 mL).
- Διενεργείται ανάδευση του δείγματος και τοποθέτηση στο υδατόλουτρο σε θερμοκρασία 40 °C για 20 min.
- Φυγοκέντρωση για 6 min στα 4000 rpm.
- Μεταφορά με πιπέτα σε καθαρό σωλήνα των 5 mL αιθυλικής αλκοόλης.
- Δεύτερη εκχύλιση των φαινολικών που εναπόμειναν στον ιστό με 2 x 2,5 mL 75% v/v αιθυλική αλκοόλη (τελικός όγκος 5 mL).
- Ανάδευση του δείγματος και τοποθέτηση στο υδατόλουτρο σε θερμοκρασία 40 °C για 20 min.
- Φυγοκέντρωση για 6 min στα 4000 rpm.
- Μεταφορά με πιπέτα των 5 mL αιθυλικής αλκοόλης ώστε στο σύνολο να υπάρχουν 10 mL εκχυλίσματος αιθυλικής αλκοόλης.

Από το σύνολο των 10 mL εκχυλίσματος αιθυλικής αλκοόλης, ένα μέρος χρησιμοποιήθηκε για τη μέτρηση των ολικών φαινολικών ενώσεων, ολικών ο-διφαινολών, ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβονολών και το υπόλοιπο για την ποσοτική και ποιοτική ανάλυση των μεμονωμένων φαινολικών ενώσεων με τη χρήση της HPLC.

Η μέθοδος εκχύλισης των φαινολικών ουσιών ελέγχθηκε για την επιλογή των κατάλληλων εκχυλιστών, των συγκεντρώσεων και των όγκων αυτών με δοκιμές αιθυλικής αλκοόλης, μεθανόλης και πετρελαϊκού αιθέρα σε συγκεντρώσεις 50%, 75%, 90%, 100% v/v σε όγκους 10 mL άπαξ και 2 x 5 mL. Ο έλεγχος της καλύτερης μεθόδου εκχύλισης των φαινολικών ουσιών έγινε με τη μέτρηση των ολικών φαινολικών ενώσεων στο φασματοφωτόμετρο (βλέπε μέθοδο παρακάτω 2.2) στο εκχύλισμα και στο στερεό υπόλειμμα της εκχύλισης. Τα αποτελέσματα της παραπάνω μεθόδου έδειξαν ότι η χρήση 75% v/v αιθυλικής αλκοόλης ως εκχυλιστή σε όγκο 2 x 5 mL ελάμβανε τις περισσότερες φαινολικές ενώσεις από το δείγμα.

## 2.2 Μέθοδος προσδιορισμού ολικών φαινολικών ενώσεων στο εκχύλισμα

Ο προσδιορισμός των ολικών φαινολικών ενώσεων έγινε με το αντιδραστήριο Folin-Ciocalteu (BDH) σύμφωνα με τη μέθοδο που περιγράφεται από τους Roussos και Pontikis (2001):

- Σε 3,95 mL απεσταγμένο νερό προστίθενται 50  $\mu$ L εκχυλίσματος του δείγματος και ακολουθεί καλή ανάδευση.
- Προστίθεται 250  $\mu$ L αντιδραστηρίου Folin-Ciocalteu.
- Ανάδευση και μετά από περίπου 1 min προστίθενται 750  $\mu$ L 20% w/v  $\text{Na}_2\text{CO}_3$ .
- Ανάδευση και παραμονή των δειγμάτων σε ηρεμία για 2 h.

Η απορρόφηση μετρήθηκε στο φασματοφωτόμετρο (Helios  $\gamma$ , Unicam, UK) σε μήκος κύματος 760 nm. Ο προσδιορισμός των συγκεντρώσεων των δειγμάτων έγινε με βάση την καμπύλη αναφοράς των πρότυπων διαλυμάτων γνωστής συγκέντρωσης ταννικού οξέος (συγκέντρωση ταννικού οξέος από 1000  $\text{mg L}^{-1}$  έως 31,25  $\text{mg L}^{-1}$ ).

## 2.3 Μέθοδος προσδιορισμού ολικών ο-διφαινολών στο εκχύλισμα

Ο προσδιορισμός των ολικών ο-διφαινολών έγινε σύμφωνα με τη μέθοδο που περιγράφεται από τους Roussos και Pontikis (2001):

- Σε 900  $\mu\text{L}$  απεσταγμένο νερό προστίθενται 100  $\mu\text{L}$  εκχυλίσματος του δείγματος και ακολουθεί καλή ανάδευση.
- Προστίθεται 1 mL φωσφορικό ρυθμιστικό διάλυμα 0,1 M pH=5,8.
- Ακολουθεί ανάδευση και μετά προστίθενται 2 mL 5% w/v  $\text{Na}_2\text{MoO}_4\cdot 5\text{H}_2\text{O}$ .
- Στη συνέχεια ακολουθεί πάλι ανάδευση και τέλος παραμονή των δειγμάτων σε ηρεμία για 15 min πριν τη μέτρηση.

Η απορρόφηση μετρήθηκε στο φασματοφωτόμετρο σε μήκος κύματος 370 nm. Ο προσδιορισμός των συγκεντώσεων των δειγμάτων έγινε με βάση την καμπύλη αναφοράς των πρότυπων διαλυμάτων γνωστής συγκέντρωσης καφεϊκού οξέος (συγκέντρωση καφεϊκού οξέος από 400  $\text{mg L}^{-1}$  έως 6,25  $\text{mg L}^{-1}$ ).

#### 2.4 Μέθοδος προσδιορισμού ολικών φλαβονοειδών στο εκχύλισμα

Ο προσδιορισμός των ολικών φλαβονοειδών έγινε σύμφωνα με τη μέθοδο που περιγράφεται από τους Bamdad et al. (2006):

- Σε 2 mL απεσταγμένο νερό προστίθενται 500  $\mu\text{L}$  εκχυλίσματος του δείγματος αραιωμένο κατά 50% και ακολουθεί καλή ανάδευση.
- Προστίθεται 0,15 mL 5% w/v  $\text{NaNO}_2$ .
- Ανάδευση και μετά από 5 min προστίθενται 0,15 mL 10% w/v  $\text{AlCl}_3$ .
- Ανάδευση και μετά από 6 min προστίθενται 1 mL  $\text{NaOH}$  1 N.
- Ανάδευση και μετά προστίθενται 1,2 mL απεσταγμένο νερό.
- Ανάδευση και μέτρηση των δειγμάτων στο φασματοφωτόμετρο.

Η απορρόφηση μετρήθηκε στο φασματοφωτόμετρο σε μήκος κύματος 510 nm. Ο προσδιορισμός των συγκεντώσεων των δειγμάτων έγινε με βάση την καμπύλη αναφοράς των πρότυπων διαλυμάτων γνωστής συγκέντρωσης κατεχίνης (συγκέντρωση κατεχίνης από 600  $\text{mg L}^{-1}$  έως 18,75  $\text{mg L}^{-1}$ ).

#### 2.5 Μέθοδος προσδιορισμού ολικών φλαβονολών στο εκχύλισμα

Ο προσδιορισμός των ολικών φλαβονοειδών έγινε σύμφωνα με τη μέθοδο που περιγράφεται από τους Arnous et al. (2002):

- 200  $\mu\text{L}$  εκχυλίσματος του δείγματος προστίθενται σε 1 mL αντιδραστηρίου που περιέχει 100 mg 4-dimethylaminocinnamaldehyde σε 25% v/v HCL διαλυμένο σε μεθανόλη και ακολούθησε ανάδευση.

- Παραμονή των δειγμάτων σε ηρεμία για 10 min και μέτρηση αυτών στο φασματοφωτόμετρο.

Η απορρόφηση μετρήθηκε στο φασματοφωτόμετρο σε μήκος κύματος 640 nm. Ο προσδιορισμός των συγκεντώσεων των δειγμάτων έγινε με βάση την καμπύλη αναφοράς των πρότυπων διαλυμάτων γνωστής συγκέντρωσης κατεχίνης (συγκέντρωση κατεχίνης από 37,5 mg L<sup>-1</sup> έως 1,17 mg L<sup>-1</sup>).

## 2.6 Μέθοδος προσδιορισμού μεμονομένων φαινολικών ενώσεων με τη χρήση της HPLC

Ο προσδιορισμός των μεμονομένων φαινολικών ενώσεων έγινε ως εξής:

- 5 mL εκχυλίσματος 75% v/v αιθυλικής αλκοόλης εξατμίστηκαν με τη χρήση ροής N<sub>2</sub>, ώστε στους σωλήνες να παραμείνει μόνο το υδατικό υπόλειμμα στο οποίο περιέχονται οι φαινολικές ουσίες.
- Στο υδατικό υπόλειμμα προστέθηκε 1 mL νερό HPLC και ακολούθησε ανάδευση.
- Προστέθηκαν 2 mL οξικού αιθυλεστέρα.
- Καλή ανάδευση για περίπου 1 min.
- Μεταφορά με πιπέτα σε καθαρό σωλήνα του υπερκείμενου οξικού αιθυλεστέρα.
- Στο υπόλειμμα προστέθηκαν 2 mL οξικού αιθυλεστέρα.
- Καλή ανάδευση για περίπου 1 min.
- Μεταφορά με πιπέτα του υπερκείμενου οξικού αιθυλεστέρα και ένωση των δύο υπερκειμένων.
- Εξάτμιση του οξικού αιθυλεστέρα με τη χρήση ροής N<sub>2</sub>.
- Στο στερεό υπόλειμμα προστέθηκαν 0,5 mL μεθανόλης HPLC.
- Φιλτράρισμα με φίλτρο σύριγγας διαμέτρου πόρων 0,20 μm.
- Ανάλυση των φαινολικών ουσιών με τη μέθοδο της υγρής χρωματογραφίας.

Η ανάλυση των δειγμάτων έγινε με τη χρήση αντλίας HPLC gradient, UV ανιχνευτή και σε στήλη Supelco (Discovery HS C18, 25 cm x 4,6 mm, 5 μm). Η κινητή φάση A περιείχε νερό με 1% v/v οξικό οξύ και η κινητή φάση B περιείχε μεθανόλη με 1% v/v οξικό οξύ. Ο διαχωρισμός έγινε σε θερμοκρασία περίπου 25 °C.



Για τον καλύτερο διαχωρισμό των ουσιών χρησιμοποιήθηκε πρόγραμμα μεταβολής της κινητής φάσης και του μήκους κύματος του ανιχνευτή (Πίνακες 33 και 34).

**Πίνακας 33.** Πρόγραμμα μεταβολής της κινητής φάσης κατά την ανάλυση των φαινολικών ουσιών με τη χρήση της HPLC.

Χρόνος (min)	Διαλύτες (%)	
	Κινητή φάση A	Κινητή φάση B
0	90	10
5	90	10
55	65	35
65	65	35
80	55	45
120	20	80

**Πίνακας 34.** Πρόγραμμα μεταβολής του μήκους κύματος του ανιχνευτή κατά την ανάλυση των φαινολικών ουσιών με τη χρήση της HPLC.

Χρόνος (min)	Μήκος κύματος (nm)
0	280
20	325
30	280
46	350
67	280
76	350

Με την παραπάνω μέθοδο ανιχνεύτηκαν εννιά φαινολικές ενώσεις οι οποίες ήταν οι εξής: υδροξυτυροσόλη (hydroxytyrosol, HT: φαινολική αλκοόλη), τυροσόλη (tyrosol, Tyr: φαινολική αλκοόλη), χλωρογενικό οξύ (chlorogenic acid, CGA: φαινολικό οξύ-υδροξυκινναμικό παράγωγο), βερμπασκοζίτης (verbascoside: VER: γλυκοζίτης του καφεϊκού οξέος και της υδροξυτυροσόλης), 7-γλυκοζίτης λουτεολίνης (luteolin-7-glucoside, LUT-7-GLUC: γλυκοζίτης φλαβόνης), ρουτίνη (quercetin-3-O-rutinoside, RUTIN: γλυκοζίτης φλαβονόλης), ελευρωπαΐνη (oleuropein, OLE: σεκοϊριδοειδής ένωση, ετεροσιδικός γλυκοζίτης του ελενολικού οξέος και της υδροξυτυροσόλης), κερκετίνη (quercetin, QUERCETIN: φλαβονόλη) και λουτεολίνη (luteolin, LUTEOLIN: φλαβόνη) (Silva et al., 2006; Savarese et al., 2007). Οι παραπάνω ενώσεις ταυτοποιήθηκαν και με τη χρήση HPLC με ανιχνευτή UV-Diode array (βλέπε χρωματογραφήματα στο Παράρτημα Β).

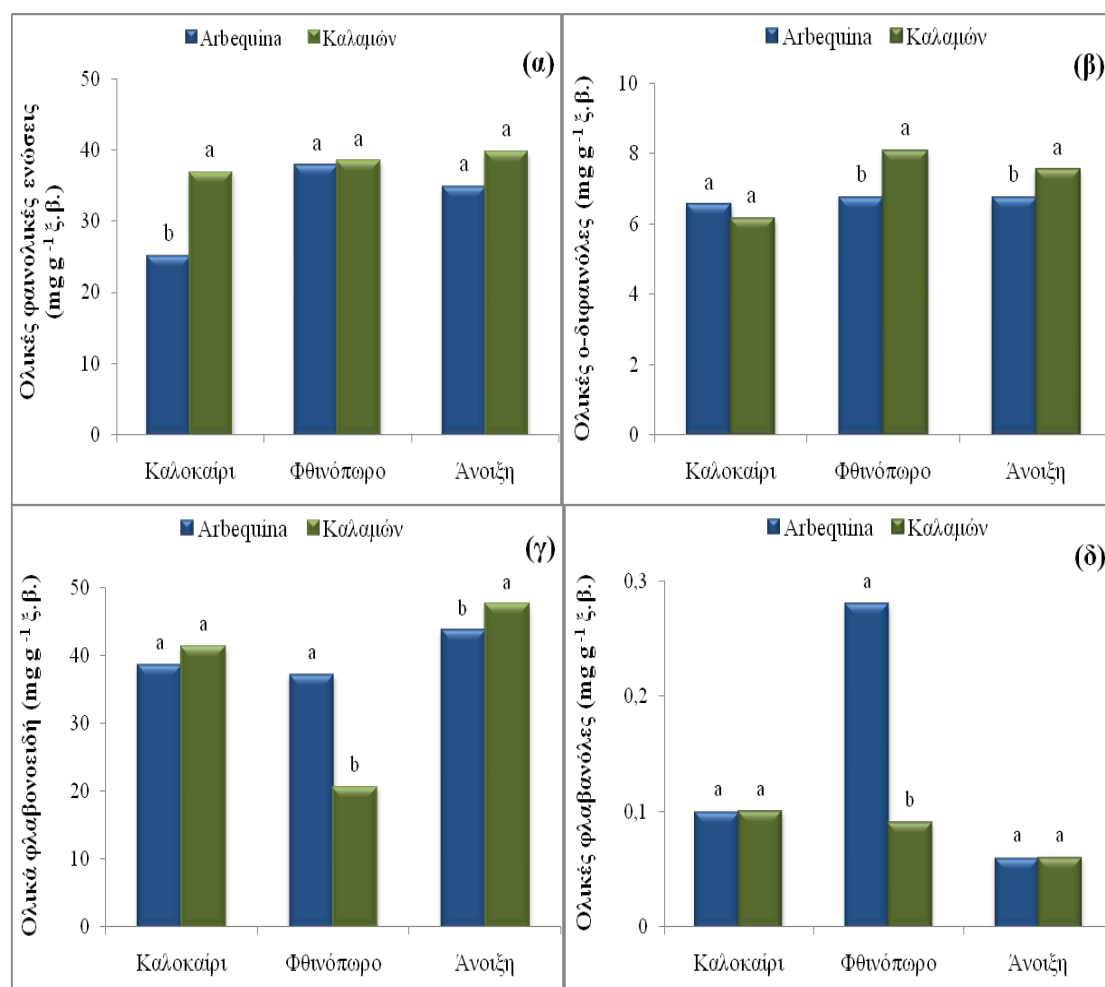
## 2.7 Στατιστική ανάλυση

Η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων έγινε με το στατιστικό πακέτο JMP 7 για τα Windows. Η ανάλυση που ακολουθήθηκε ήταν ανάλυση διασποράς για το παραγοντικό μέρος του πειράματος (Multi Factor ANOVA) με παράγοντες τις ημέρες μετά τη φύτευση (0, 1, 3, 5, 7 και 15 ημέρες), την ποικιλία ('Arbequina' και 'Καλαμών') και την ορμονική επέμβαση (IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> και μάρτυρας). Οι σημαντικές διαφορές βρέθηκαν χρησιμοποιώντας το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία του Tukey's HSD, σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$ . Επίσης, πραγματοποιήθηκε γραμμική συσχέτιση για την εξακρίβωση στατιστικής σχέσης μεταξύ της ριζοβολίας των μοσχευμάτων και των φαινολικών ενώσεων. Τα αποτελέσματα παρουσιάζονται και περιγράφονται αναλυτικά σε πίνακες και σχεδιαγράμματα.

### 3. Αποτελέσματα

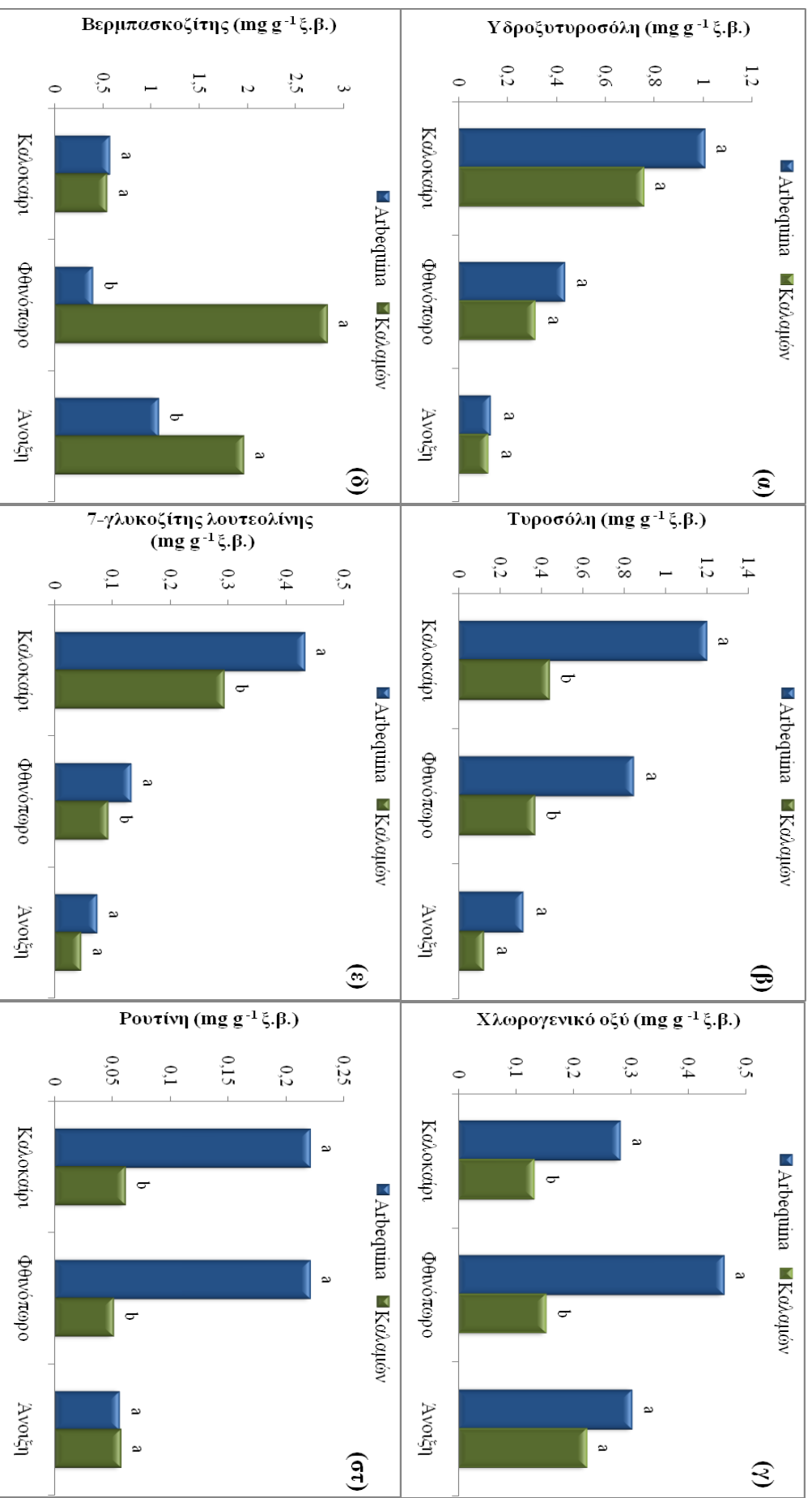
#### 3.1 Αρχική συγκέντρωση φαινολικών ενώσεων

Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν υψηλότερη αρχική συγκέντρωση ολικών φαινολικών ενώσεων μόνο την περίοδο του καλοκαιριού (Σχεδ. 16α) και ολικών ο-διφαινολών το φθινόπωρο και την άνοιξη (Σχεδ. 16β). Το φθινόπωρο τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φλαβονοειδών σε σχέση με την ‘Καλαμών’, ενώ το αντίστροφο ισχύει για την άνοιξη (Σχεδ. 16γ). Οι ολικές φλαβονόλες ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερες στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ μόνο την περίοδο του φθινοπώρου (Σχεδ. 16δ), ενώ τις άλλες εποχές δεν παρατηρήθηκαν στατιστικά σημαντικές διαφορές.

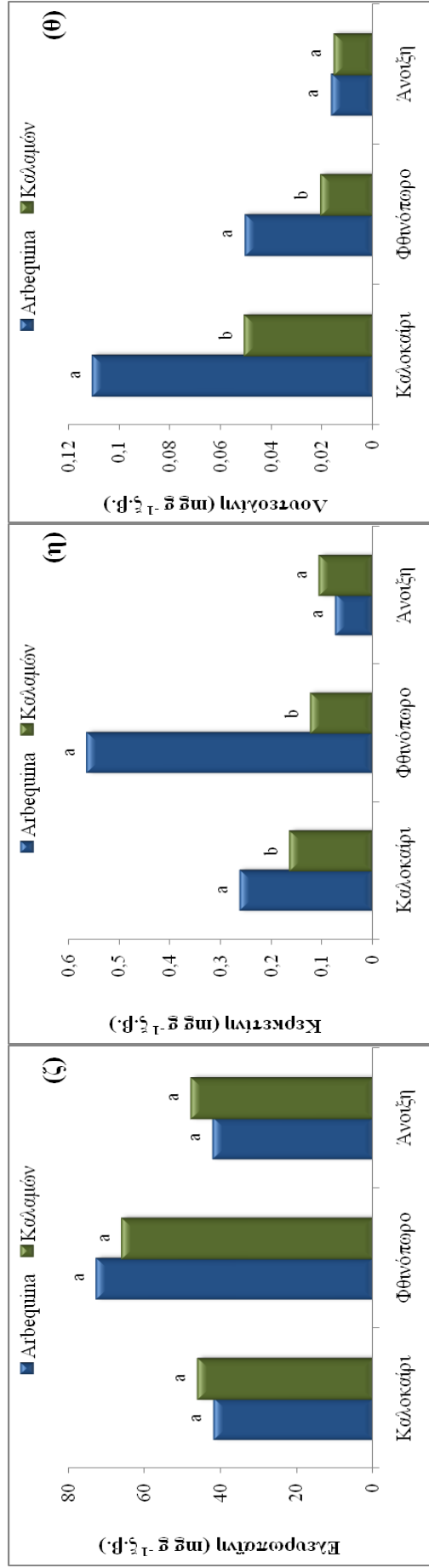


**Σχεδιάγραμμα 16.** Αρχική συγκέντρωση φαινολικών ουσιών (α-δ) κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Από την ανάλυση των μεμονωμένων φαινολικών ενώσεων παρατηρούμε ότι οι αρχικές συγκεντρώσεις της υδροξυτυροσόλης και της ελευρωπαΐνης δε διέφεραν στατιστικά σημαντικά μεταξύ των δύο ποικιλιών (Σχεδ. 17α και 17ζ). Τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Aigbequina’ παρουσίασαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη αρχική συγκέντρωση τυροσόλης, χλωρογενικού οξέος, 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης, ρουτίνης, κερκετίνης και λουτεολίνης από αυτά της ‘Καλαμών’, για τις περιόδους καλοκαίρι και φθινόπωρο (Σχεδ. 17β, 17γ, 17ε, 17στ, 17η και 17θ). Την άνοιξη δεν παρατηρήθηκαν στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών όσον αφορά τις συγκεντρώσεις των παραπάνω φαινολικών ουσιών. Αντιθέτως, η συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ για τις περιόδους φθινόπωρο και άνοιξη (Σχεδ. 17δ).



**Σχεδιάγραμμα 17 (α-στ).** Αρχική συγκέντρωση μεμονωμένων φαινολικών ουσιών κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $r=8$ ).



**Σχεδιάγραμμα 17 (ζ-θ).** Αρχική συγκέντρωση μεμονωμένων φαινολικών ουσιών κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Γενικά παρατηρήθηκε πτωτική τάση των μεμονωμένων φαινολικών ενώσεων από το καλοκαίρι προς το φθινόπωρο και την επόμενη άνοιξη και για τις δύο ποικιλίες με εξαίρεση το χλωρογενικό οξύ, το βερμπασκοζίτη και την ελευρωπαΐνη. Επίσης, βρέθηκε αρνητική συσχέτιση μεταξύ των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών φαινολικών και της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ (Πίνακας 35). Αντιθέτως, δε βρέθηκε συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας της ‘Arbequina’ και των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών ο-διφαινολών, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβανολών. Όσον αφορά τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε η ύπαρξη θετικής συσχέτισης μεταξύ της ριζοβολίας και των ολικών ο-διφαινολών και αρνητική συσχέτιση με τη συγκέντρωση των ολικών φλαβονοειδών (Πίνακας 36). Τέλος, δε βρέθηκε καμία συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας της ‘Καλαμών’ και των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών φαινολικών και των ολικών φλαβανολών.

**Πίνακας 35.** Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010).

	P value	r	r <sup>2</sup>	Εξίσωση συσχέτισης
Ολ. φαινολικές ενώσεις	***	-0,84	71	Rt = 129,44 – 2,42 x Ολ. φαινολικές ενώσεις
Ολικές ο-διφαινόλες	ns	-0,16	3	Rt = 84,88 – 5,04 x Ολικές ο-διφαινόλες
Ολικά φλαβονοειδή	ns	-0,33	11	Rt = 121,65 – 1,77 x Ολικά φλαβονοειδή
Ολικές φλαβανόλες	ns	-0,29	8	Rt = 58,96 – 52,51 x Ολικές φλαβανόλες

Επεξηγήσεις: Rt, ποσοστό ριζοβολία – P, πιθανότητα – r, συντελεστής συσχέτισης των συντελεστών – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

**Πίνακας 36.** Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ της ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010).

	P value	r	r <sup>2</sup>	Εξίσωση συσχέτισης
Ολ. φαινολικές ενώσεις	ns	0,03	0,1	Rt = 1,12 + 0,01 x Ολ. φαινολικές ενώσεις
Ολικές ο-διφαινόλες	**	0,53	29	Rt = – 1,84 + 0,47 x Ολικές ο-διφαινόλες
Ολικά φλαβονοειδή	***	-0,94	89	Rt = 4,38 – 0,074 x Ολικά φλαβονοειδή
Ολικές φλαβανόλες	ns	0,29	8	Rt = 0,38 + 13,53 x Ολικές φλαβανόλες

Επεξηγήσεις: Rt, ποσοστό ριζοβολία – P, πιθανότητα – r, συντελεστής συσχέτισης των συντελεστών – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

Όσον αφορά τις μεμονωμένες φαινολικές ενώσεις, παρατηρήθηκε θετική συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ και της αρχικής συγκέντρωσης της υδροξυτυροσόλης, της τυροσόλης, του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και της λουτεολίνης (Πίνακας 37). Επίσης, θετική συσχέτιση βρέθηκε μεταξύ της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ και της αρχικής συγκέντρωσης του βερμπασκοζίτη και της ελευρωπαΐνης (Πίνακας 38).

**Πίνακας 37.** Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010).

	P value	r	r <sup>2</sup>	Εξίσωση συσχέτισης
Υδροξυτυροσόλη	***	0,94	88	Rt = 28,28 + 44,32 x Υδροξυτυροσόλη
Τυροσόλη	**	0,83	70	Rt = 20,87 + 39,23 x Τυροσόλη
Χλωρογενικό οξύ	ns	-0,46	21	Rt = 8,63 – 87,02 x Χλωρογενικό οξύ
Βερμπασκοζίτης	ns	-0,33	11	Rt = 63,61 – 18,44 x Βερμπασκοζίτης
7-γλυκοζ. λουτεολίνης	***	0,99	98	Rt = 28,5 + 108,1 x 7-γλυκοζ. λουτεολίνης
Ρουτίνη	ns	0,56	31	Rt = 31,06 + 121,96 x Ρουτίνη
Ελευρωπαΐνη	ns	-0,40	16	Rt = 74,87 – 0,45 x Ελευρωπαΐνη
Κερκετίνη	ns	-0,04	0,13	Rt = 52,26 – 3,11 x Κερκετίνη
Λουτεολίνη	***	0,96	92	Rt = 26,85 + 429,56 x Λουτεολίνη

Επεξηγήσεις: Rt, ποσοστό ριζοβολία – P, πιθανότητα – r, συντελεστής συσχέτισης των συντελεστών – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

**Πίνακας 38.** Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010).

	P value	r	r <sup>2</sup>	Εξίσωση συσχέτισης
Υδροξυτυροσόλη	ns	-0,19	4	Rt = 1,72 – 0,56 x Υδροξυτυροσόλη
Τυροσόλη	ns	0,13	2	Rt = 1,23 + 0,80 x Τυροσόλη
Χλωρογενικό οξύ	ns	-0,24	6	Rt = 2,28 – 4,60 x Χλωρογενικό οξύ
Βερμπασκοζίτης	**	0,87	76	Rt = 0,38 + 0,60 x Βερμπασκοζίτης
7-γλυκοζ. λουτεολίνης	ns	-0,29	9	Rt = 1,83 – 2,27 x 7-γλυκοζ. λουτεολίνης
Ρουτίνη	ns	-0,28	8	Rt = 2,43 – 16,83 x Ρουτίνη
Ελευρωπαΐνη	***	0,94	89	Rt = – 3,27 + 0,09 x Ελευρωπαΐνη
Κερκετίνη	ns	-0,10	0,91	Rt = 1,73 – 1,83 x Κερκετίνη
Λουτεολίνη	ns	-0,38	14	Rt = 1,94 – 14,87 x Λουτεολίνη

Επεξηγήσεις: Rt, ποσοστό ριζοβολία – P, πιθανότητα – r, συντελεστής συσχέτισης των συντελεστών – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.



### 3.2 Συγκέντρωση ολικών και μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στην πορεία της ριζοβολίας

#### 3.2.1 Καλοκαίρι

Σύμφωνα με τον πίνακα 39, η ποικιλία και οι επεμβάσεις δεν επηρέασαν σημαντικά τις συγκεντρώσεις των ολικών φαινολικών ουσιών, με εξαίρεση τις ολικές φλαβανόλες για την επίδραση της ποικιλίας. Αντίθετα, οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τις ολικές φαινολικές ουσίες. Δεν βρέθηκε αλληλεπίδραση ποικιλίας-επέμβασης, ενώ υπήρξε αλληλεπίδραση ποικιλίας-ημερών για όλες τις φαινολικές ουσίες.

**Πίνακας 39.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

Συγκέντρωση Ολικών Φαινολικών Ουσιών ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)				
	Ολικές φαινολικές ενώσεις	Ολικές ο-διφαινόλες	Ολικά φλαβονοειδή	Ολικές φλαβανόλες
<b>Ποικιλία</b>	ns	ns	ns	*
<b>Επεμβάσεις</b>	ns	ns	ns	ns
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	ns	ns	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	***	ns	*
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	***	***	ns

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Η σύγκριση των δύο ποικιλιών έδειξε ότι δε διέφεραν στατιστικά σημαντικά στη συγκέντρωση των μετρούμενων ολικών φαινολικών ουσιών για την περίοδο του καλοκαιριού (Πίνακας 40). Εξαίρεση αποτελούν οι ολικές φλαβανόλες οι οποίες είχαν υψηλότερη συγκέντρωση στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Η επέμβαση με αυξίνη δεν επηρέασε σημαντικά καμία από τις μελετώμενες παραμέτρους. Αντίθετα οι ημέρες μετά τη φύτευση επηρέασαν σημαντικά τις ολικές φαινολικές ουσίες. Η υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φαινολικών ενώσεων παρατηρήθηκε 5 και 7 ΗΜΦ και ολικών ο-διφαινολών 15 ΗΜΦ. Επιπλέον, 7 ΗΜΦ είχαμε την υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φλαβονοειδών και 5 ΗΜΦ την υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φλαβανολών.

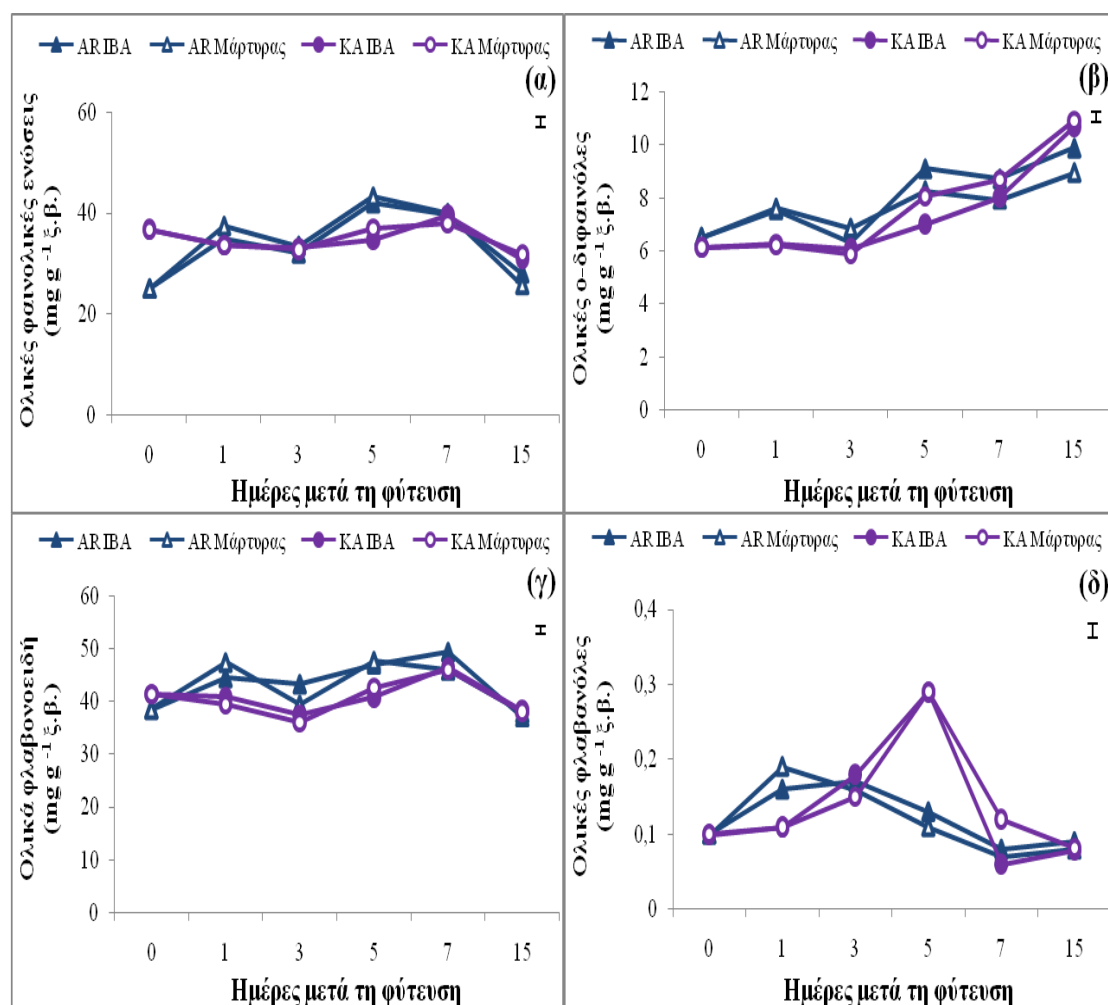
**Πίνακας 40.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

<b>Συγκέντρωση Ολικών Φαινολικών Ουσιών (mg g<sup>-1</sup> ξηρού βάρους)</b>				
<b>Παράμετρος</b>	<b>Ολικές φαινολικές ενώσεις</b>	<b>Ολικές ο-διφαινόλες</b>	<b>Ολικά φλαβονοειδή</b>	<b>Ολικές φλαβανόλες</b>
<b>Ποικιλία</b>				
Arbequina	33,90a	7,86a	43,11a	0,13b
Καλαμών	34,89a	7,51a	40,73a	0,15a
<b>Επεμβάσεις</b>				
Μάρτυρας	34,56a	7,67a	41,70a	0,14a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	34,23a	7,70a	42,13a	0,14a
<b>Ημέρες</b>				
0	30,84c	6,33e	39,96bc	0,10cd
1	34,95ab	6,91cd	43,05abc	0,14bc
3	32,85bc	6,29de	39,10bc	0,17ab
5	39,25a	8,11bc	44,57ab	0,21a
7	39,34a	8,35b	46,97a	0,08d
15	29,14d	10,10a	37,84c	0,08d

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας παρατηρήθηκαν σημαντικές μεταβολές στη συγκέντρωση των μετρούμενων ολικών φαινολικών ουσιών (Σχεδ. 18α-δ) που τελικά οδήγησαν στη μείωση αυτών με εξαίρεση της ο-διφαινόλες (Σχεδ. 18β) των οποίων η συγκέντρωση αυξήθηκε συνεχώς. Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ παρατηρήθηκε μια πρώτη αύξηση στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων 1 ΗΜΦ, ακολούθησε μια δεύτερη μεγαλύτερη αύξηση 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια είχαμε σημαντική μείωση (Σχεδ. 18α). Τα ολικά φλαβονοειδή αυξήθηκαν στατιστικά σημαντικά στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ 1, 5 και 7 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκαν σημαντικά (Σχεδ. 18γ). Αντίστοιχα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ οι ολικές φαινολικές ενώσεις και τα ολικά φλαβονοειδή αυξήθηκαν σημαντικά 7 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκαν. Η συγκέντρωση των ολικών φλαβανολών αυξήθηκε στατιστικά σημαντικά στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ 1 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά (Σχεδ. 3δ), ενώ στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκε έντονη

αύξηση των ολικών φλαβονολών 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια ακολούθησε σημαντική μείωση αυτών.



**Σχεδιάγραμμα 18.** Μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων (α), των ολικών ο-διφαινόλων (β), των ολικών φλαβονοειδών (γ) και των ολικών φλαβανολών (δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Σύμφωνα με τον πίνακα 41 η ποικιλία, και οι ΗΜΦ επηρεάζουν σημαντικά τη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών. Η επέμβαση με αυξίνη επηρεάζει επίσης σημαντικά ορισμένα από τα μεμονωμένα φαινολικά με εξαίρεση την υδροξυτυροσόλη, τη τυροσόλη, τη ρουτίνη και τη λουτεολίνη. Η αλληλεπίδραση ημερών και ποικιλίας ήταν επίσης σημαντική για όλες τις φαινολικές ουσίες. Οι αλληλεπιδράσεις της επέμβασης με IBA με τους άλλους παράγοντες φαίνεται να ασκούν σημαντική επίδραση επί των συγκεντρώσεων ορισμένων μόνο φαινολικών ουσιών.

Τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση για όλα τα μεμονωμένα φαινολικά από αυτά της ‘Καλαμών’, με εξαίρεση τον βερμπασκοζίτη του οποίου η συγκέντρωση ήταν υψηλότερη στην ποικιλία ‘Καλαμών’ (Πίνακας 42). Επίσης, η επέμβαση με αυξίνη αύξησε σημαντικά τη συγκέντρωση του χλωρογενικού οξέος, του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης, της ελευρωπαϊνης, της κερκετίνης και της λουτεολίνης, ενώ δεν επηρέασε σημαντικά τη συγκέντρωση των άλλων μεμονωμένων φαινολικών ενώσεων. Η συγκέντρωση της υδροξυτυροσόλης της τυροσόλης και του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης ήταν μέγιστη στην αρχή της ριζοβολίας. Το χλωρογενικό οξύ, η ρουτίνη, η ελευρωπαϊνή και η κερκετίνη ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερα την 5<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας, ενώ ο βερμπασκοζίτης 15 ΗΜΦ (Πίνακας 42).

**Πίνακας 41.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού περιβάλλοντος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μισχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

Παράμετρος	Συγκέντρωση Μεμονωμένων Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)										
	HT	TYR	CGA	VER	LUT-7-GLUC	RUTIN	OLE	QUERCETIN	LOUTEOLIN		
<b>Ποικιλία</b>	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
<b>Επέμβασεις</b>	ns	ns	*	*	***	ns	***	**	ns	ns	ns
<b>Ημέρες</b>	***	***	*	***	***	***	***	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επέμβασεις</b>	ns	***	ns	***	**	***	*	***	***	***	***
<b>Επέμβσεις x Ημέρες</b>	*	ns	ns	***	**	*	***	ns	ns	ns	ns
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	**	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επέμβσεις x Ημέρες</b>	**	ns	*	***	***	ns	***	ns	ns	ns	ns

Επεξηγήσεις: \*, p<0,05 – \*\*, p<0,01 – \*\*\*, p<0,001 – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

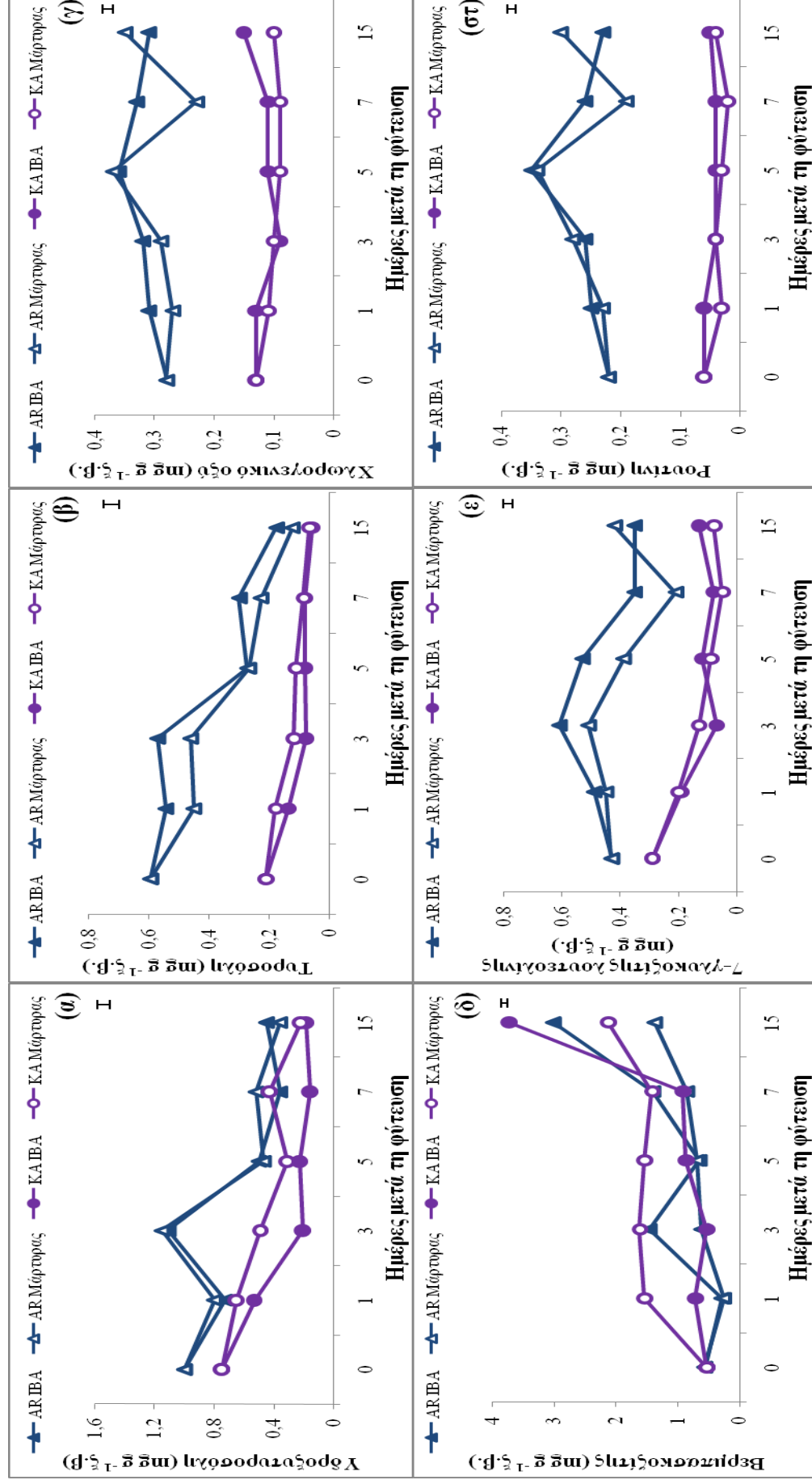
**Πίνακας 42.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών 'Arbequina' και 'Καλαμών' κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009).

Παράμετρος	Συγκέντρωση Μεμονωμένων Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)									
	HT	TYR	CGA	VER	LUT-7-GLUC	RUTIN	OLE	QUERCETIN	LOUTEOLIN	
<b>Ποικιλία</b>										
Arbequina	0,70a	0,76a	0,31a	0,98b	0,42a	0,26a	61,13a	0,35a	0,110a	
Καλαμών	0,41b	0,24b	0,11b	1,34a	0,14b	0,04b	38,89b	0,13b	0,038b	
<b>Επέμβασεις</b>										
Μάρτυρας	0,60a	0,48a	0,20b	1,09b	0,26b	0,15a	47,15b	0,22b	0,076a	
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	0,52a	0,52a	0,22a	1,22a	0,30a	0,16a	52,87a	0,26a	0,072a	
<b>Ημέρες</b>										
0	0,88a	0,81a	0,20ab	0,54d	0,36a	0,14bc	43,52c	0,21bc	0,081a	
1	0,68b	0,66b	0,21ab	0,70cd	0,33ab	0,14bc	54,84b	0,25ab	0,080a	
3	0,74ab	0,61b	0,20ab	1,06b	0,33ab	0,16b	39,97c	0,24ab	0,076a	
5	0,38c	0,37c	0,24a	0,94bc	0,28bc	0,19a	60,93a	0,28a	0,080a	
7	0,37c	0,35c	0,19b	1,15b	0,17d	0,13c	56,86ab	0,19c	0,056b	
15	0,31c	0,21d	0,23ab	2,56a	0,25c	0,16bc	43,94c	0,26ab	0,071ab	

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

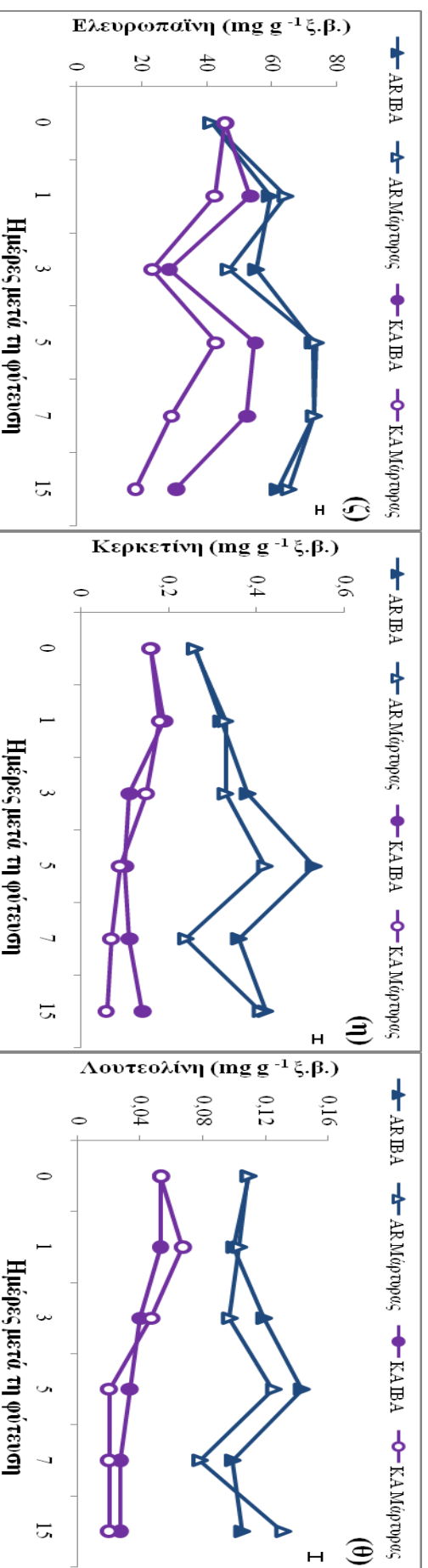
Το σχεδιάγραμμα 19 δείχνει ότι στην ποικιλία *Arbequina* υπήρξε αυξητική τάση μέχρι τις 5 ΗΜΦ για το χλωρογενικό οξύ, τη ρουτίνη, την κερκετίνη, την ελευρωπαΐνη και τη λουτεολίνη. Στη συνέχεια η συγκέντρωσή τους μειώθηκε (7 ΗΜΦ) και αυξήθηκε πάλι στις 15 ΗΜΦ με εξαίρεση την ελευρωπαΐνη στην οποία η μείωση συνεχίστηκε και στις 15 ΗΜΦ. Αντίθετα οι συγκεντρώσεις της υδροξυτυροσόλης και της τυροσόλης είχαν πτωτική τάση κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας. Στην ίδια ποικιλία φαίνεται ότι το IBA αύξησε σημαντικά τις συγκεντρώσεις των περισσότερων φαινολικών έναντι του μάρτυρα αλλά σε ορισμένες μόνο ημέρες μετά τη φύτευση.

Στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' οι υψηλότερες συγκεντρώσεις υδροξυτυροσόλης, τυροσόλης, χλωρογενικού οξέος, 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και ρουτίνης παρατηρήθηκαν στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) (Σχεδ. 19α, 19β, 19γ, 19ε και 19στ). Στη συνέχεια είτε μειώθηκαν ή παρέμειναν αμετάβλητες και γενικά σε χαμηλά επίπεδα κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας με εξαίρεση τον βερμπασκοζίτη που αυξήθηκε σημαντικά 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 19δ). Ωστόσο, τις πρώτες 7 ημέρες της ριζοβολίας η συγκέντρωσή του ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα του μάρτυρα σε σχέση με αυτά που δέχτηκαν τη μεταχείριση με IBA. Επίσης, παρατηρήθηκε ότι στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' η συγκέντρωση της κερκετίνης και της λουτεολίνης αυξήθηκε στατιστικά σημαντικά την πρώτη ημέρα της ριζοβολίας και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά (Σχεδ. 19η και 19θ).



**Σχεδιάγραμμα 19 (α-στ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).





**Σχεδιάγραμμα 19 (ζ-θ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μωσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.2.2 Φθινόπωρο

Σύμφωνα με τον πίνακα 43, η ποικιλία και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά όλες τις μετρούμενες ολικές φαινολικές ουσίες, με εξαίρεση τις ολικές φαινολικές ενώσεις για την επίδραση της ποικιλίας. Αντίθετα, η επέμβαση με αυξίνη δεν επηρέασε σημαντικά καμία από τις μετρούμενες παραμέτρους. Η αλληλεπίδραση ποικιλίας-επέμβασης ήταν σημαντική μόνο για τις ολικές ο-διφαινόλες ενώ οι υπόλοιπες αλληλεπιδράσεις ήταν σημαντικές με εξαίρεση την τριπλή επίδραση για τα ολικά φαινολικά.

**Πίνακας 43.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

Συγκέντρωση Ολικών Φαινολικών Ουσιών ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)				
	Ολικές φαινολικές ενώσεις	Ολικές ο-διφαινόλες	Ολικά φλαβονοειδή	Ολικές φλαβανόλες
<b>Ποικιλία</b>	ns	***	***	***
<b>Επεμβάσεις</b>	ns	ns	ns	ns
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	***	ns	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	***	***	**	***
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	***	***	***

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

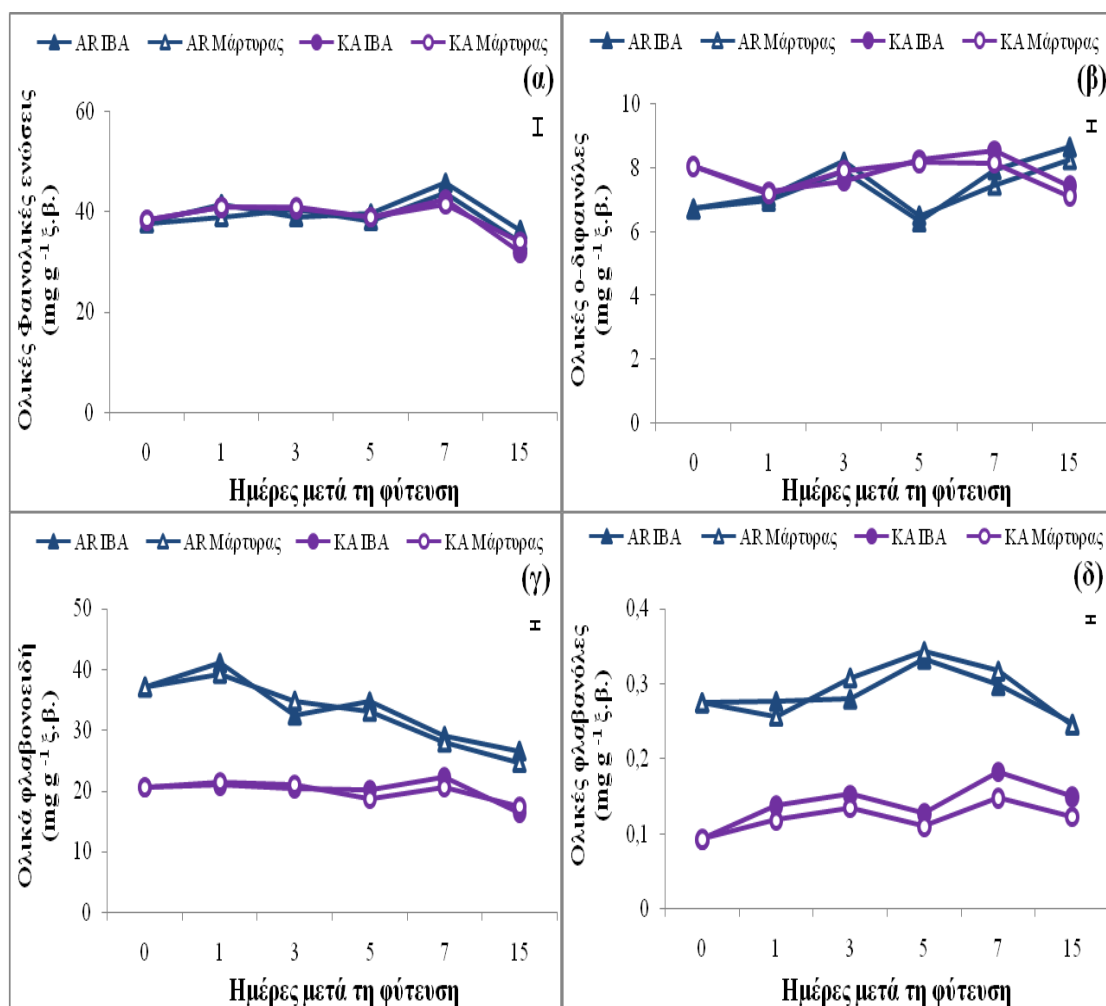
Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φλαβονοειδών και ολικών φλαβανολών (Πίνακας 44), ενώ η ποικιλία ‘Καλαμών’ είχε υψηλότερη συγκέντρωση ολικών ο-διφαινολών. Η επέμβαση με αυξίνη δεν επηρέασε σημαντικά τη συγκέντρωση των μετρούμενων ολικών φαινολικών ουσιών σε αντίθεση με τις ΗΜΦ. Η υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φαινολικών ενώσεων, ολικών ο-διφαινολών και ολικών φλαβανολών παρατηρήθηκε 7 ΗΜΦ, ενώ 0 και 1 ΗΜΦ παρουσίασε την υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φλαβονοειδών.

**Πίνακας 44.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών 'Arbequina' και 'Καλαμών' κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

Παράμετρος	Συνγένεση Ολικών Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> Ξηρού βάρους)		
	Ολικές φαινολικές ενώσεις	Ολικές ο-διφαινόλες	Ολικά φλαβονοειδή
<b>Ποικιλία</b>			
Arbequina	39,43a	7,10b	33,15a
Καλαμών	38,99a	7,65a	20,04b
			0,272a
			0,129b
<b>Επέμβασεις</b>			
Μάρτυρας	39,01a	7,52a	26,37a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	39,42a	7,24a	26,82a
			0,204a
			0,197a
<b>Ημέρες</b>			
0	38,02ab	7,39b	28,85a
1	40,596ab	7,12b	30,68a
3	40,26ab	7,90ab	27,17ab
5	38,93ab	7,31b	26,64ab
7	43,39a	8,02a	24,94b
15	34,07b	7,89ab	21,27b
			0,184c
			0,197abc
			0,219abc
			0,223ab
			0,237a
			0,191bc

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας παρατηρήθηκαν διάφορες μεταβολές στη συγκέντρωση των μετρούμενων ολικών φαινολικών ενώσεων (Σχεδ. 20α-δ). Οι ολικές φαινολικές ενώσεις και των δύο ποικιλιών παρέμειναν αμετάβλητες μέχρι τις 5 ΗΜΦ, αυξήθηκαν σημαντικά την 7<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας και στη συνέχεια μειώθηκαν (Σχεδ. 20α). Στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' οι ολικές ο-διφαινόλες αυξήθηκαν σημαντικά 3 ΗΜΦ, μειώθηκαν 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια αυξήθηκαν και πάλι (Σχεδ. 20β). Αντίθετα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' οι ολικές ο-διφαινόλες μειώθηκαν σημαντικά 1 ΗΜΦ, στη συνέχεια 3 έως 7 ημέρες αυξήθηκαν και μειώθηκαν πάλι 15 ΗΜΦ. Η συγκέντρωση των ολικών φλαβονοειδών αυξήθηκε σημαντικά για τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' 1 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά (Σχεδ. 20γ). Στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' τα ολικά φλαβονοειδή παρέμειναν αμετάβλητα μέχρι 5 ΗΜΦ και αυξήθηκαν την 7<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας, ενώ στη συνέχεια μειώθηκαν. Τέλος, η συγκέντρωση των ολικών φλαβονολών αυξήθηκε στατιστικά σημαντικά στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' 5 ΗΜΦ και στην ποικιλία 'Καλαμών' 7 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκαν σημαντικά και στις δύο ποικιλίες (Σχεδ. 20δ).



**Σχεδιάγραμμα 20.** Μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων (α), των ολικών ο-διφαινολών (β), των ολικών φλαβονοειδών (γ) και των ολικών φλαβανολών (δ), στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Οι μεμονωμένες φαινολικές ενώσεις επηρεάστηκαν σημαντικά από την ποικιλία και τις ΗΜΦ (Πίνακας 45). Η επέμβαση με αυξίνη ήταν σημαντική μόνο για την υδροξυτυροσόλη, το βερμπασκοζίτη και τη λουτεολίνη. Οι αλληλεπιδράσεις δεν ήταν σημαντικές για τις συγκεντρώσεις των περισσότερων μεμονωμένων φαινολικών ουσιών, με ορισμένες εξαιρέσεις.

**Πίνακας 45.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

Παράμετρος	Συγκέντρωση Μεμονωμένων Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)									
	HT	TYR	CGA	VER	LUT-7-GLUC	RUTIN	OLE	QUERCETIN	LOUTEOLIN	
Ποικιλία	***	***	***	***	*	***	*	***	***	***
Επέμβασεις	ns	ns	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	*
Ημέρες	***	**	***	***	***	*	***	***	***	***
Ποικιλία x Επέμβασεις	ns	ns	*	*	*	*	ns	*	*	*
Επέμβασεις x Ημέρες	ns	ns	ns	***	***	ns	ns	ns	ns	ns
Ποικιλία x Ημέρες	ns	*	ns	***	***	ns	*	*	*	*
Ποικιλία x Επέμβασεις x Ημέρες	ns	ns	ns	***	***	ns	ns	ns	ns	ns

Επεξηγήσεις: \*, p<0,05 – \*\*, p<0,01 – \*\*\*, p<0,001 – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση υδροξυτυροσόλης, τυροσόλης, χλωρογενικού οξέος, ρουτίνης, κερκετίνης και λουτεολίνης (Πίνακας 46). Αντιθέτως, η συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη, του 7-γλυκοζίτη και της ελευρωπαΐνης ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Επίσης, τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με IBA είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση βερμπασκοζίτη και λουτεολίνης σε σχέση με το μάρτυρα. Όσον αφορά τις ΗΜΦ παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση της υδροξυτυροσόλης και της τυροσόλης ήταν μέγιστη στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες), του χλωρογενικού οξέος, της ρουτίνης και της λουτεολίνης 1 και 3 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκαν (Πίνακας 46). Η συγκέντρωση του 7-γλυκοζίτη και της κερκετίνης ήταν μέγιστη 3 ΗΜΦ, του βερμπασκοζίτη 15 ΗΜΦ και της ελευρωπαΐνης 1 ΗΜΦ, ενώ στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά.

Στο σχεδιάγραμμα 21 (α-η) παρατηρούμε ότι στην ‘Arbequina’ οι συγκεντρώσεις όλων των φαινολικών ενώσεων μειώθηκαν σημαντικά 15 ΗΜΦ, σε σχέση με την ημέρα της φύτευσης, με εξαίρεση τη συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη και της ρουτίνης που αυξήθηκαν. Ειδικότερα, η συγκέντρωση της υδροξυτυροσόλης και για τις δύο ποικιλίες ήταν μέγιστη στην αρχή της ριζοβολίας και στη συνέχεια μειώθηκε στατιστικά σημαντικά 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 21α). Η συγκέντρωση της τυροσόλης ήταν μέγιστη για τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ στην αρχή της ριζοβολίας και στα μοσχεύματα της ‘Καλαμών’ 1 ΗΜΦ. Στη συνέχεια και στις δύο ποικιλίες μειώθηκε σημαντικά, παρουσίασε μια προσωρινή αύξηση 7 ΗΜΦ και τελικά μειώθηκε σημαντικά πάλι 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 21β).

**Πίνακας 46.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών 'Arbequina' και 'Καλαμών' κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009).

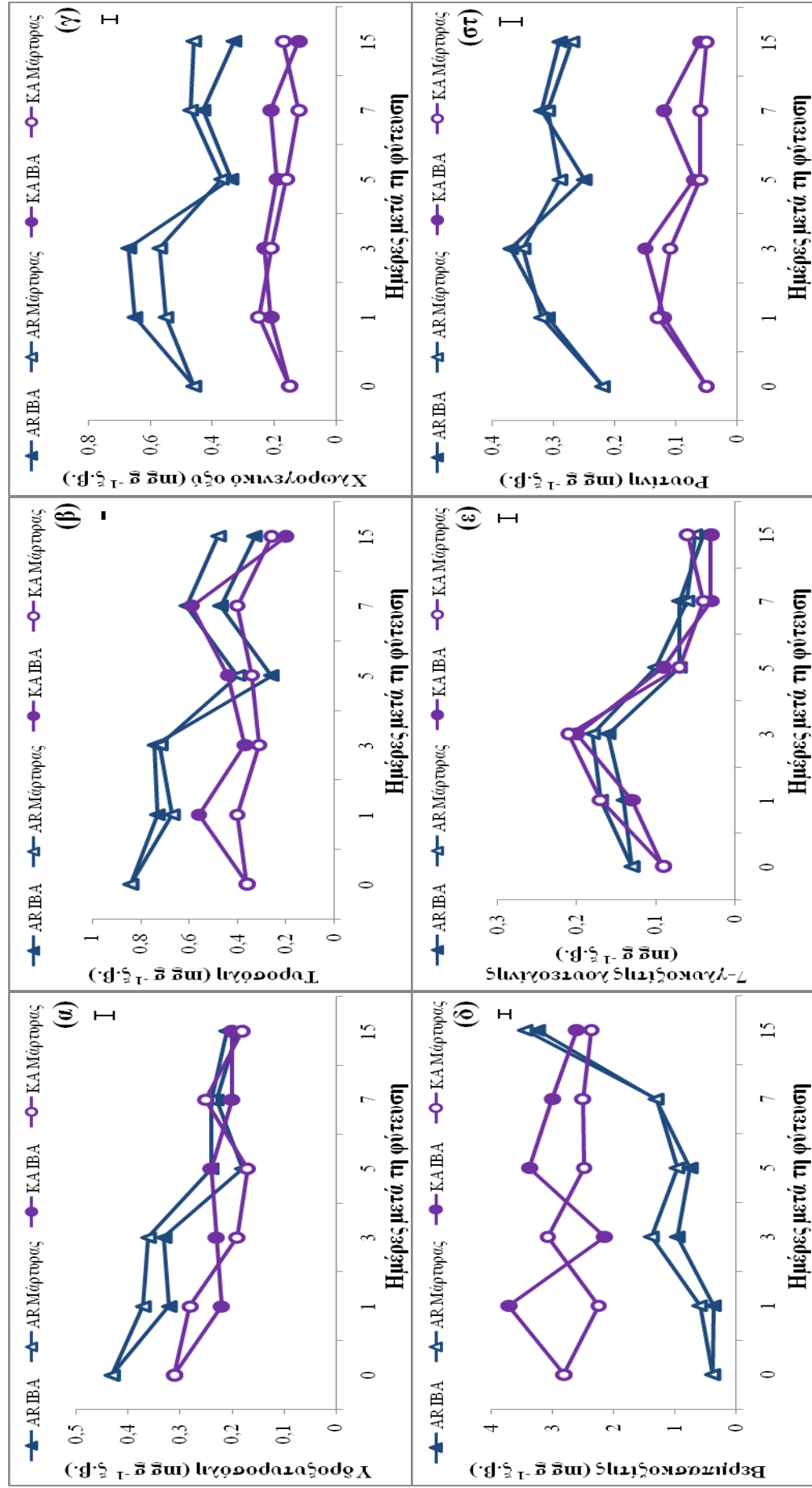
Παράμετρος	Συγκέντρωση Μεμονωμένων Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)									
	HT	TYR	CGA	VER	LUT-7-GLUC	RUTIN	OLE	QUERCETIN	LOUTEOLIN	
<b>Ποικιλία</b>										
Arbequina	0,29a	0,59a	0,48a	1,26b	0,11b	0,29a	64,75b	0,53a	0,049a	
Καλαμών	0,23b	0,38b	0,18b	2,76a	0,13a	0,09b	70,98a	0,15b	0,026b	
<b>Επέμβασεις</b>										
Μάρτυρας	0,27a	0,48a	0,33a	1,96b	0,11a	0,18a	69,10a	0,38a	0,034b	
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	0,26a	0,49a	0,32a	2,06a	0,12a	0,19a	66,62a	0,31a	0,041a	
<b>Ημέρες</b>										
0	0,37a	0,60a	0,31ab	1,60d	0,11b	0,14b	68,99bc	0,34abc	0,031b	
1	0,30ab	0,58ab	0,42a	1,73c	0,15ab	0,22a	81,84a	0,45ab	0,049a	
3	0,28bc	0,54ab	0,42a	1,89bc	0,19a	0,25a	74,81ab	0,47a	0,049a	
5	0,21c	0,36ab	0,27b	1,89bc	0,08bc	0,17ab	63,45c	0,27bc	0,031b	
7	0,23c	0,52ab	0,31ab	2,03b	0,12b	0,20ab	65,70cd	0,29abc	0,036b	
15	0,20c	0,32b	0,27b	2,91a	0,05c	0,17ab	49,91d	0,24c	0,028b	

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

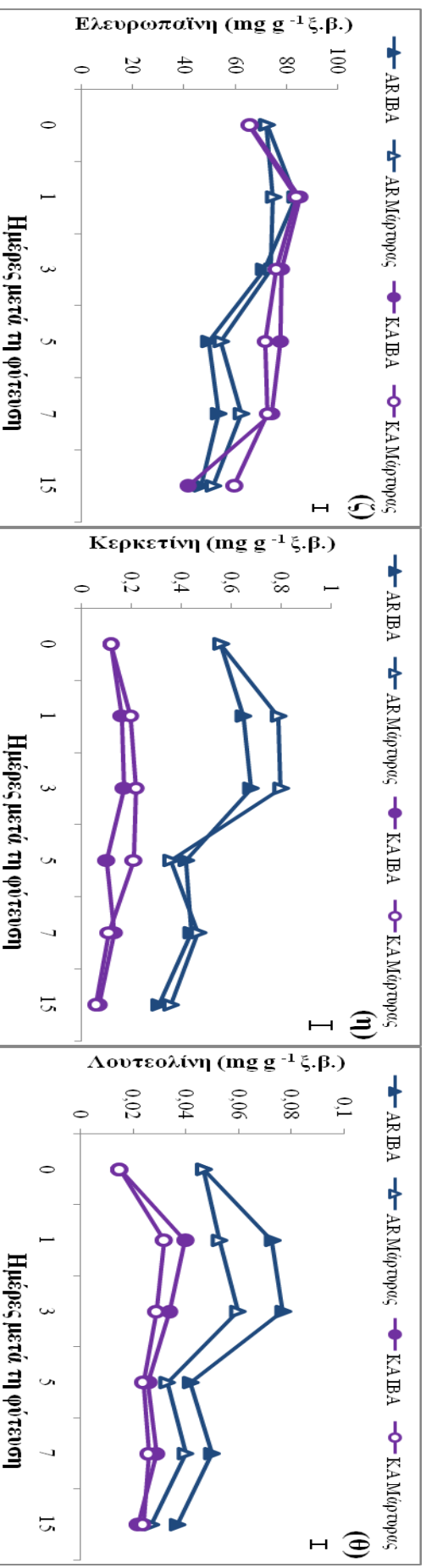


Επίσης, στην ποικιλία 'Arbequina' βλέπουμε ότι η συγκέντρωση του χλωρογενικού οξέος, της ρουτίνης, της κερκετίνης, του βερμβασκοζίτη και της λουτεολίνης αυξήθηκε σημαντικά 3 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά 5 ΗΜΦ. Την 7<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας οι συγκεντρώσεις των παραπάνω φαινολικών ουσιών αυξήθηκαν σημαντικά για να μειωθούν πάλι 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 21γ, 21δ, 21στ, 21η και 21θ), με εξαίρεση αυτή του βερμβασκοζίτη που συνέχισε να αυξάνεται. Η συγκέντρωση του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης αυξήθηκε σημαντικά 3 ΗΜΦ (Σχεδ. 21ε) και στη συνέχεια μειώθηκε. Τέλος, η ελευρωπαΐνη αυξήθηκε σημαντικά 1 και 7 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 21ζ).

Στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' οι συγκεντρώσεις του χλωρογενικού οξέος, της ελευρωπαΐνης και της λουτεολίνης αυξήθηκαν στατιστικά σημαντικά την πρώτη ημέρα της ριζοβολίας και στη συνέχεια μειώθηκαν σημαντικά (Σχεδ. 21γ, 21ζ και 21θ). Στην ίδια ποικιλία, η συγκέντρωση του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και της κερκετίνης αυξήθηκε 3 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε (Σχεδ. 21ε και 21η), με την αύξηση αυτή να είναι πιο έντονη για τη συγκέντρωση του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης. Η συγκέντρωση του βερμβασκοζίτη αυξήθηκε σημαντικά 1 και 5 ΗΜΦ για τα μοσχεύματα που δέχτηκαν τη μεταχείριση με IBA. Τέλος, η ρουτίνη αυξήθηκε για τα μοσχεύματα του μάρτυρα 1 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε (Σχεδ. 21στ). Αντίθετα, για τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με IBA η συγκέντρωση της ρουτίνης αυξήθηκε σημαντικά 3 και 7 ΗΜΦ και μειώθηκε σημαντικά 15 ΗΜΦ.



**Σχεδιάγραμμα 21 (α-στ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).



**Σχεδιάγραμμα 21 (ζ-θ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.2.3 Άνοιξη

Ο πίνακας 47 δείχνει ότι η ποικιλία, οι επεμβάσεις και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τις συγκεντρώσεις των ολικών φαινολικών ουσιών. Η αλληλεπίδραση ποικιλία-επέμβασης δεν ήταν σημαντική, ενώ αντίθετα σημαντική ήταν η αλληλεπίδραση επέμβασης-ημερών για όλες τις φαινολικές ενώσεις. Οι άλλες αλληλεπιδράσεις είχαν σημαντική επίδραση σε επιμέρους φαινολικές ενώσεις.

**Πίνακας 47.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

Συγκέντρωση Ολικών Φαινολικών Ουσιών ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)				
	Ολικές φαινολικές ενώσεις	Ολικές ο-διφαινόλες	Ολικά φλαβονοειδή	Ολικές φλαβανόλες
<b>Ποικιλία</b>	***	***	**	***
<b>Επεμβάσεις</b>	***	***	***	***
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις</b>	ns	ns	ns	ns
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	***	**	***	***
<b>Ποικιλία x Ημέρες</b>	ns	**	ns	***
<b>Ποικιλία x Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	ns	ns	***

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

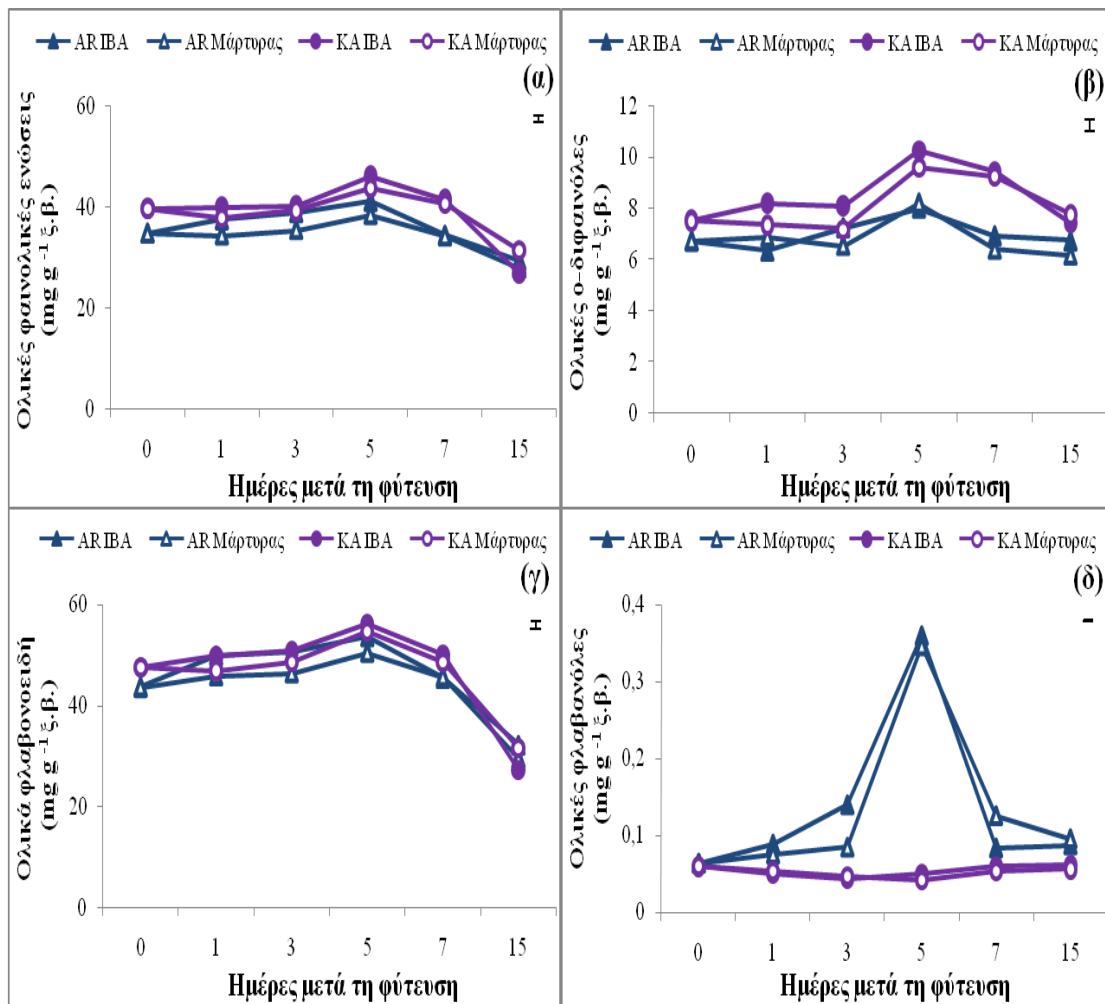
Σύμφωνα με τον πίνακα 48, η ποικιλία ‘Arbequina’ είχε υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φλαβανολών, ενώ η ‘Καλαμών’ στις υπόλοιπες φαινολικές ενώσεις. Η επέμβαση με IBA αύξησε σημαντικά όλες τις φαινολικές ουσίες που μετρήθηκαν. Οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τις μετρούμενες φαινολικές ουσίες, με την υψηλότερη συγκέντρωση να παρατηρείται 5 ΗΜΦ.

**Πίνακας 48.** Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

<b>Συγκέντρωση Ολικών Φαινολικών Ουσιών (mg g<sup>-1</sup> ξηρού βάρους)</b>				
<b>Παράμετρος</b>	<b>Ολικές φαινολικές ενώσεις</b>	<b>Ολικές ο-διφαινόλες</b>	<b>Ολικά φλαβονοειδή</b>	<b>Ολικές φλαβανόλες</b>
<b>Ποικιλία</b>				
Arbequina	35,04b	6,90b	44,27b	0,135a
Καλαμών	38,83a	8,30a	46,08a	0,053b
<b>Επεμβάσεις</b>				
Μάρτυρας	36,40b	7,46b	43,93b	0,092b
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	37,47a	7,74a	46,42a	0,096a
<b>Ημέρες</b>				
0	37,16b	7,12c	45,61c	0,062f
1	37,35b	7,19c	48,08abc	0,067e
3	38,37ab	7,27c	49,09ab	0,079c
5	42,26a	9,01a	53,72a	0,20a
7	37,62b	8,00ab	47,40bc	0,081b
15	28,85c	7,01c	30,16d	0,076d

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Το σχεδιάγραμμα 22 (α και γ) δείχνει ότι οι ολικές φαινολικές ενώσεις και τα ολικά φλαβονοειδή παρέμειναν σχετικά σταθερά μέχρι τις 3 ΗΜΦ (και στις δύο ποικιλίες), αυξήθηκαν σημαντικά την 5<sup>η</sup> ημέρα και στη συνέχεια μειώθηκαν απότομα ώστε η τελική τιμή τους να είναι πολύ μικρότερη από την αρχική. Παρόμοιες μεταβολές συνέβησαν στις ολικές ο-διφαινόλες με τη διαφορά ότι η τελική τιμή ήταν παρόμοια με την αρχική (Σχεδ. 22β). Παρατηρήθηκε επίσης ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φαινολικών ενώσεων, ολικών ο-διφαινολών και ολικών φλαβονοειδών σε σχέση με την ποικιλία ‘Arbequina’ σε ολόκληρη την πορεία της ριζοβολίας. Όσον αφορά τις ολικές φλαβανόλες, τόσο στα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με αυξίνη όσο και στα μοσχεύματα του μάρτυρα της ποικιλίας ‘Arbequina’, παρουσίασαν στατιστικά σημαντική αύξηση 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκαν απότομα (Σχεδ. 22δ). Αντίθετα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ δεν παρατηρήθηκαν στατιστικά σημαντικές μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φλαβανολών στη πορεία των 15 ημερών της ριζοβολίας.



**Σχεδιάγραμμα 22.** Μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων (α), των ολικών ο-διφαινολών (β), των ολικών φλαβονοειδών (γ) και των ολικών φλαβανολών (δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Στον πίνακα 49, βλέπουμε ότι η ποικιλία, οι ΗΜΦ και η αλληλεπίδραση αυτών ήταν στατιστικά σημαντική για τις συγκεντρώσεις των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών, με εξαίρεση την υδροξυτυροσόλη και τη λουτεολίνη για τις ΗΜΦ. Επίσης, η επέμβαση με IBA επηρέασε μόνο τη συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη, του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης, τη ρουτίνη και τη λουτεολίνη. Τέλος, οι αλληλεπιδράσεις δεν άσκησαν σημαντική επίδραση επί των συγκεντρώσεων των διαφόρων μεμονωμένων φαινολικών ουσιών με ορισμένες εξαιρέσεις.

**Πίνακας 49.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μισοχειμάτων των ποικιλιών 'Arboguina' και 'Καλαμιών' κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

Παράμετρος	Συγκέντρωση Μεμονωμένων Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)									
	HT	TYR	CGA	VER	LUT-7-GLUC	RUTIN	OLE	QUERCETIN	LOUTEOLIN	
Ποικιλία	***	***	***	***	**	***	**	***	**	***
Επέμβασεις	ns	ns	ns	**	***	*	ns	ns	*	
Ημέρες	ns	*	***	***	*	**	***	**	ns	
Ποικιλία x Επέμβασεις	ns	ns	ns	ns	*	ns	*	ns	ns	
Επέμβασεις x Ημέρες	ns	*	*	*	**	***	**	*	*	
Ποικιλία x Ημέρες	*	**	***	***	***	**	**	**	*	
Ποικιλία x Επέμβασεις x Ημέρες	ns	*	ns	**	ns	**	ns	ns	ns	

Επεξηγήσεις: \*, p<0,05 – \*\*, p<0,01 – \*\*\*, p<0,001 – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση υδροξυτυροσόλης, τυροσόλης, χλωρογενικού οξέος, 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης, ρουτίνης και λουτεολίνης (Πίνακας 50). Αντιθέτως, η συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη, της ελευρωπαΐνης και της κερκετίνης ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Επίσης, τα μοσχεύματα του μάρτυρα παρουσίασαν στατιστικά σημαντικά χαμηλότερη συγκέντρωση 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης, βερμπασκοζίτη, ρουτίνης και λουτεολίνης από τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με αυξίνη. Όσον αφορά τις ΗΜΦ παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση της τυροσόλης και του χλωρογενικού οξέος ήταν μέγιστη 3 και 5 ΗΜΦ. Ο βερμπασκοζίτης, ο 7-γλυκοζίτης της λουτεολίνης, η ρουτίνη και η ελευρωπαΐνη είχαν τη μέγιστη τιμή την 5<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας, ενώ η κερκετίνη 3 ΗΜΦ. Αντίθετα, οι συγκεντρώσεις της υδροξυτυροσόλης και της λουτεολίνης δε μεταβλήθηκαν σημαντικά στην πορεία της ριζοβολίας.

Το σχεδιάγραμμα 23 δείχνει ότι οι περισσότερες μεμονωμένες φαινολικές ουσίες είχαν υψηλότερη συγκέντρωση στο μεγαλύτερο διάστημα των 15 ημερών της ριζοβολίας στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’. Αντίθετα οι συγκεντρώσεις του βερμπασκοζίτη και της κερκετίνης ήταν υψηλότερες στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Η επέμβαση με IBA μόνο περιστασιακά επηρέασε θετικά ή αρνητικά τη συγκέντρωση ορισμένων φαινολικών ενώσεων και στις δύο ποικιλίες. Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ η συγκέντρωση των περισσότερων μεμονωμένων φαινολικών (με εξαίρεση την υδροξυτυροσόλη και τον 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης) μειώθηκε 1 ΗΜΦ και αυξήθηκε σημαντικά 3 ΗΜΦ, ενώ στη συνέχεια ακολούθησε μια πτωτική γενικά πορεία. Ωστόσο, στα μοσχεύματα του μάρτυρα της ποικιλίας ‘Arbequina’ παρατηρούμε ότι 15 ΗΜΦ η συγκέντρωση του χλωρογενικού οξέος και της κερκετίνης αυξήθηκε στατιστικά σημαντικά (Σχεδ. 23γ και 23στ). Αντίθετα, η συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη μειώθηκε στατιστικά σημαντικά 1 ΗΜΦ και στη συνέχεια στην πορεία της ριζοβολίας αυξήθηκε (Σχεδ. 23δ).

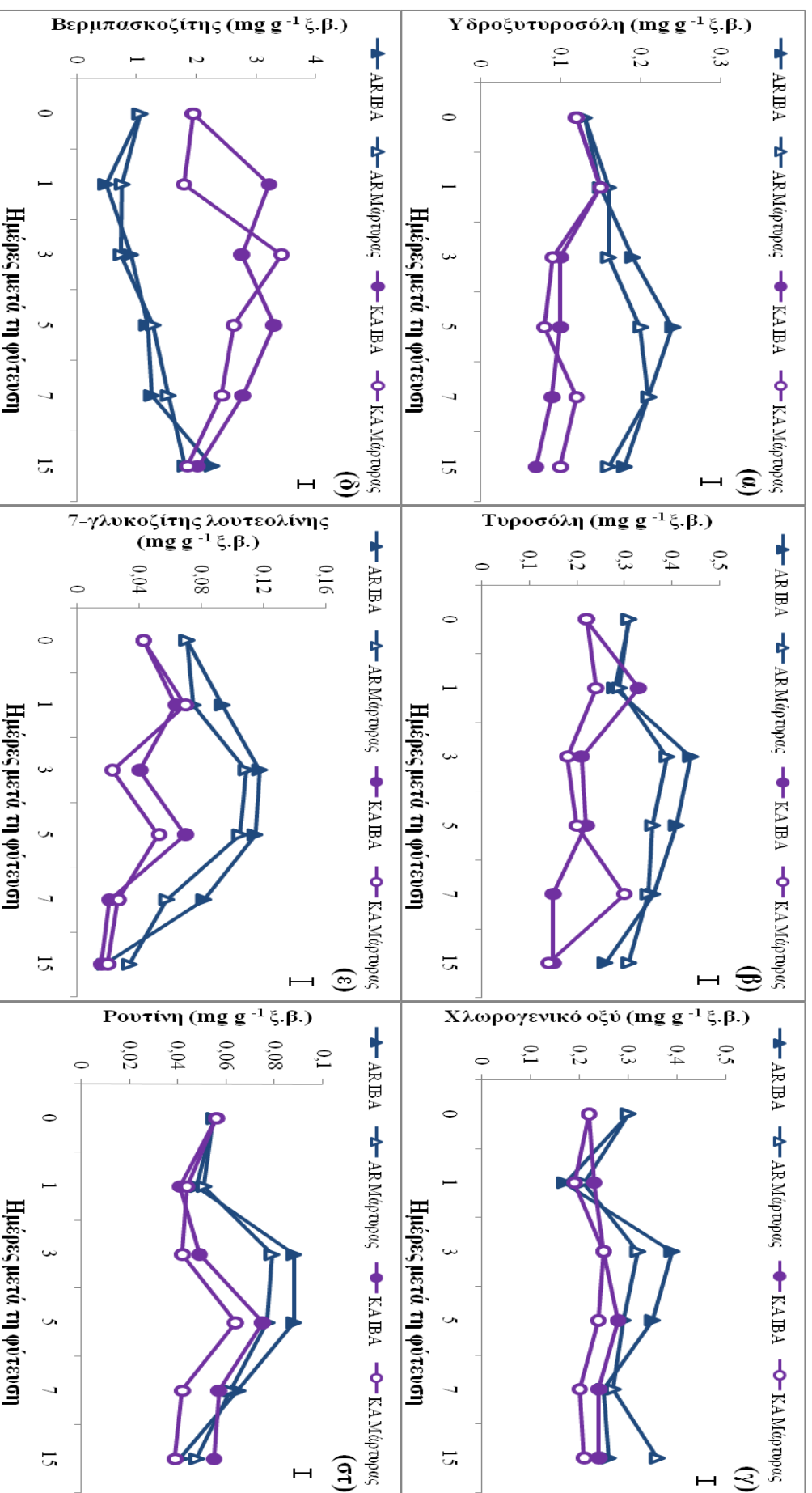


**Πίνακας 50.** Επίδραση της ποικιλίας, της επείμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών 'Arbequina' και 'Καλαμών' κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010).

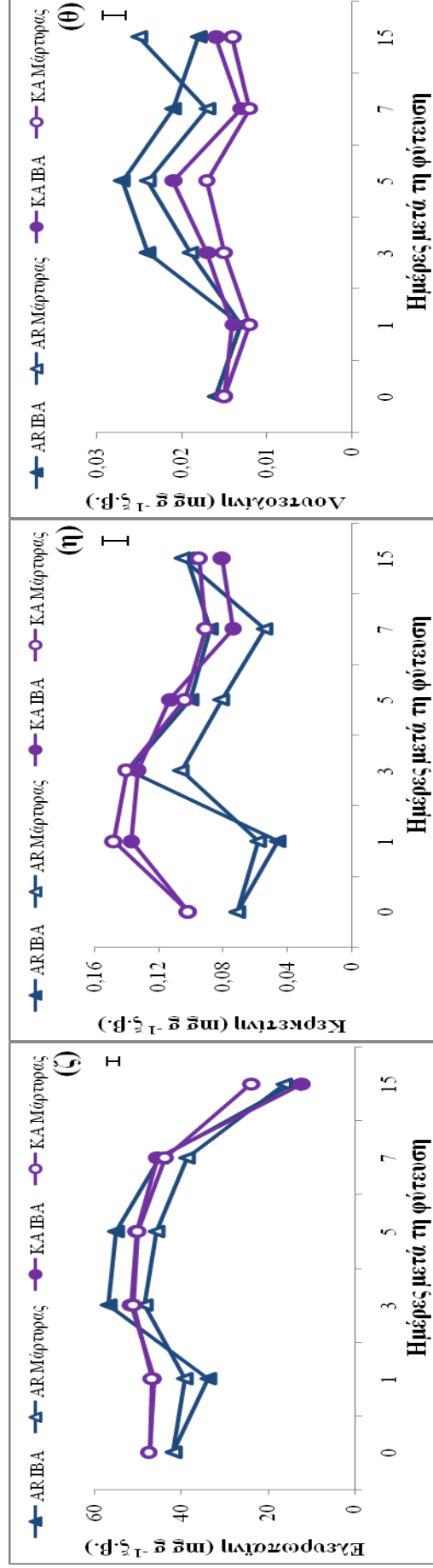
Παράμετρος	Συγκέντρωση Μεμονωμένων Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)									
	HT	TYR	CGA	VER	LUT-7-GLUC	RUTIN	OLE	QUERCETIN	LOUTFOLIN	
<b>Ποικιλία</b>										
Arbequina	0,17a	0,34a	0,29a	1,20b	0,079a	0,063a	38,96b	0,085b	0,019a	
Καλαμών	0,11b	0,21b	0,23b	2,52a	0,059b	0,059b	42,96a	0,110a	0,015b	
<b>Επείμβασεις</b>										
Μάρτυρας	0,14a	0,27a	0,26a	1,77b	0,057b	0,055b	40,35a	0,096a	0,016b	
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	0,13a	0,28a	0,27a	1,94a	0,063a	0,060a	41,56a	0,099a	0,018a	
<b>Ημέρες</b>										
0	0,13a	0,27ab	0,26ab	1,51b	0,057b	0,056ab	44,53abc	0,087ab	0,015a	
1	0,15a	0,29ab	0,20b	1,57b	0,076ab	0,046b	41,95c	0,097ab	0,013a	
3	0,14a	0,31a	0,30a	1,96ab	0,073ab	0,065ab	49,39ab	0,129a	0,018a	
5	0,16a	0,30a	0,29a	2,10a	0,086a	0,076a	50,18a	0,100ab	0,018a	
7	0,16a	0,29ab	0,24ab	2,01ab	0,047bc	0,057ab	43,13bc	0,077b	0,018a	
15	0,12a	0,22b	0,27ab	1,99ab	0,022c	0,046b	16,57d	0,096ab	0,018a	

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στηλής που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ η συγκέντρωση της υδροξυτυροσόλης και της τυροσόλης (μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με IBA) αυξήθηκε σημαντικά 1 ΗΜΦ, στη συνέχεια μειώθηκε και αυξήθηκε πάλι 7 ΗΜΦ (Σχεδ. 23α και 23β). Αξιοσημείωτο είναι ότι η δεύτερη αύξηση ήταν πιο έντονη για τα μοσχεύματα του μάρτυρα. Η συγκέντρωση του χλωρογενικού οξέος αυξήθηκε σημαντικά 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε (Σχεδ. 23γ). Επιπλέον, η συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη αυξήθηκε σημαντικά στα μοσχεύματα που δέχτηκαν τη μεταχείριση με IBA, 1 και 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε (Σχεδ. 23δ). Αντίθετα, για τα μοσχεύματα του μάρτυρα ο βερμπασκοζίτης είχε τη μέγιστη συγκέντρωση 3 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά. Ο 7-γλυκοζίτης της λουτεολίνης παρουσίασε αυξομειώσεις που τελικά οδήγησαν σε μείωση της αρχικής του συγκέντρωσης (Σχεδ. 23ε). Επίσης, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ η συγκέντρωση της ρουτίνης και της λουτεολίνης αυξήθηκε στατιστικά σημαντικά την 5<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας και στη συνέχεια μειώθηκε (Σχεδ. 23στ και 23θ). Τέλος, η ελευρωπαΐνη παρουσίασε μια μικρή αύξηση στη συγκέντρωσή της την 3<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας, η κερκετίνη την 1<sup>η</sup> ημέρα της ριζοβολίας (Σχεδ. 23ζ και 23θ), ενώ αμφότερες οι φαινολικές ενώσεις μειώθηκαν 15 ΗΜΦ.



**Σχεδιάγραμμα 23 (α-στ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεικνωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μωσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).



**Σχεδιάγραμμα 23 (ζ-θ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

#### 4. Συζήτηση

Ο σχηματισμός των τυχαίων ριζών καθώς και ολόκληρη η διαδικασία της ριζογένεσης περιλαμβάνει ένα πλήθος φυσιολογικών και βιοχημικών μεταβολών που εξαρτώνται από πολλούς ενδογενείς και εξωγενείς παράγοντες, συμπεριλαμβανομένων των αυξινών και των φαινολικών ενώσεων (Aloni et al., 2006). Ο σημαντικός ρόλος της φυσικής αυξίνης στο σχηματισμό των ριζών είναι αναμφισβήτητος. Ωστόσο, δεν είναι ακόμη σαφές κατά πόσο το IAA είναι ο μοναδικός παράγοντας για την έναρξη της ριζοβολίας. Στα προηγούμενα κεφάλαια είδαμε ότι και άλλες χημικές ουσίες με διαφορετική σύσταση μπορούν να προωθήσουν τη ριζοβολία, δρώντας συνεργιστικά ή μη του IAA.

Στην παρούσα εργασία παρατηρούμε ότι οι ολικές φαινολικές ενώσεις μειώνονται σημαντικά και στις δύο ποικιλίες κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας (Σχεδ. 18α, 20α και 22α). Η μείωση αυτή των ολικών φαινολικών ενώσεων μας δείχνει ότι πιθανόν οι ενδογενείς φαινολικές ενώσεις να έδρασαν ως συνεργιστές για το σχηματισμό συμπλόκων με το IAA, τα οποία οδήγησαν τελικά στη μείωση της συγκέντρωσής τους (Batish et al., 2008). Ωστόσο, μόνο στην ποικιλία 'Arbequina' η ενεργότητα της PPO και της POD αυξήθηκε σημαντικά 15 ΗΜΦ και στις τρεις περιόδους (βλέπε Κεφάλαιο 3). Η αύξηση της PPO συνέπεσε με τη μείωση της συγκέντρωσης των ολικών φαινολικών ενώσεων στην ποικιλία 'Arbequina' κατά το στάδιο αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών (15 ΗΜΦ). Το γεγονός αυτό δείχνει ότι στην 'εύκολη' προς ριζοβολία με μοσχεύματα ποικιλία υπήρξε κατανάλωση των φαινολικών ουσιών, η οποία έχει συσχετιστεί με την έναρξη σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων. Παρόμοια αποτελέσματα για τη χρήση των φαινολικών ουσιών και το ρόλο τους στη ριζοβολία αναφέρονται από τους Nag et al. (2001) και Batish et al. (2008). Επίσης, στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' η αυξημένη ενεργότητα της POD 15 ΗΜΦ, σε συνδυασμό με τη μειωμένη συγκέντρωση των ολικών και των περισσότερων μεμονωμένων φαινολικών ουσιών την ίδια περίοδο, πιθανόν συνεπάγεται μείωση των επιπέδων της φυσικής αυξίνης κατά το στάδιο αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών, που είναι κρίσιμης σημασίας για τη λήψη μια ικανοποιητικής ριζοβολίας (Tchinda et al., 2013; Caboni et al., 1997).

Όσον αφορά την επίδραση της εξωγενώς εφαρμοζόμενης αυξίνης στη συγκέντρωση των φαινολικών ουσιών τα αποτελέσματα είναι αντικρουόμενα. Γενικότερα, παρατηρούμε ότι η επέμβαση με αυξίνη δεν επηρέασε σημαντικά τη

συγκέντρωση των ολικών και των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών με ορισμένες εξαιρέσεις (Σχεδ. 18α-δ, 19α-θ, 20α-δ, 21α-θ, 22α-δ και 23α-θ). Τα αποτελέσματα αυτά συμφωνούν με τους Stefancic et al. (2007), οι οποίοι δεν παρατήρησαν στατιστικά σημαντική επίδραση από την εφαρμογή του IBA ή του IAA στη συγκέντρωση των φαινολικών ενώσεων στην πορεία της ριζοβολίας των φυλλοφόρων μοσχευμάτων του υποκειμένου 'GiSeIA 5'. Ωστόσο, η επέμβαση με IBA αύξησε σημαντικά τη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών την άνοιξη (Σχεδ. 22α-δ), καθώς και ορισμένες από τις μεμονωμένες φαινολικές ενώσεις και στις τρεις περιόδους (Σχεδ. 19γ-η, 21δ, 21θ, 23δ, 23ε, 23στ και 23θ). Αυτό έχει ως αποτέλεσμα την καλύτερη προστασία της φυσικής αυξίνης (Nag et al., 2001; Qaddoury και Amssa, 2004), γεγονός που ίσως σχετίζεται με τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας που παρατηρήθηκαν στα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με IBA. Αύξηση στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων κατόπιν της εφαρμογής του IBA αναφέρουν επίσης οι Qaddoury και Amssa (2004) σε μοσχεύματα *Phoenix dactylifera* L. καθώς και οι Nag et al. (2001) σε υποκοτύλια φασολιού.

Έχει αναφερθεί από πολλούς ερευνητές ότι οι διάφορες φαινολικές ενώσεις μπορούν να αλληλεπιδρούν με το IAA ρυθμίζοντας τη ριζογένεση (Curir et al., 1990; Hartmann et al., 2001; Nag et al., 2001; Osterc et al., 2008). Μεταξύ αυτών των φαινολικών ενώσεων το χλωρογενικό οξύ θεωρείται η σημαντικότερη ένωση για τη προώθηση της ριζοβολίας καθώς αλληλεπιδρά θετικά με την αυξίνη δρώντας ως συνεργιστής της ριζοβολίας (Lavee et al., 1994; Gaspar et al., 1996; Hartmann et al., 2001; Faivre-Rampant et al., 2002). Επίσης, το χλωρογενικό οξύ αποτελεί ένα σημαντικό ανταγωνιστή του IAA για οξείδωση από το ένζυμο IAA oxidase ή μπορεί να παρεμποδίσει την οξείδωση του IAA δεσμεύοντας τις ελεύθερες ρίζες που καταλύουν την αντίδραση της υπεροξειδάσης (Rabin και Klein, 1957; Krylov et al., 1995; Stefancic et al., 2007; Osterc et al., 2008). Στην παρούσα εργασία παρατηρήθηκε σημαντική διαφορά μεταξύ των δύο ποικιλιών όσον αφορά την αρχική συγκέντρωση του χλωρογενικού οξέος καθώς και σε ολόκληρη την πορεία της ριζοβολίας (Σχεδ. 19γ, 21γ και 23γ). Κατά τη διάρκεια των 15 ημερών της ριζοβολίας, η συγκέντρωσή του χλωρογενικού οξέος στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' ήταν κατά μέσο όρο μέχρι 2,5 φορές υψηλότερη από αυτή των μοσχευμάτων της 'Καλαμών' το καλοκαίρι (Σχεδ. 19γ), 3 φορές το φθινόπωρο (Σχεδ. 21γ) και 1,3 φορές την άνοιξη (Σχεδ. 23γ). Αυτό δείχνει ότι πιθανόν στα μοσχεύματα της ποικιλίας

‘Arbequina’ το χλωρογενικό οξύ χρησιμοποιείται ως εναλλακτικό μονοπάτι της δράσης της IAA oxidase με αποτέλεσμα η συγκέντρωση της ενδογενούς φυσικής αυξίνης να παραμένει υψηλή (Osterc et al., 2008), με άμεση συνέπεια την καλύτερη προώθηση της ριζοβολίας. Ωστόσο, χρειάζεται να μελετηθεί πρώτα η συγκέντρωση των ενδογενών αυξινών στα μοσχεύματα και των δύο ποικιλιών πριν καταλήξουμε σε ασφαλή συμπεράσματα για την αλληλεπίδραση του χλωρογενικού οξέος με το IAA για το συγκεκριμένο φυτικό υλικό.

Τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ είχαν υψηλότερη αρχική καθώς και σε ολόκληρη την πορεία της ριζοβολίας συγκέντρωση ρουτίνης και κερκετίνης (με εξαίρεση την άνοιξη) σε σχέση με τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (Σχεδ. 17στ, 17η, 19στ, 19η, 21στ, 21η, 23στ και 23η). Έχει αναφερθεί ότι αυτές οι φαινολικές ενώσεις συμμετέχουν στη διαδικασία της ριζογένεσης ως υπεύθυνες για την πολική μεταφορά της αυξίνης (Osterc et al., 2007). Ωστόσο, παρά το αναγκαίο της παρουσίας υψηλών αρχικών συγκεντρώσεων αυτών των ουσιών στα μοσχεύματα για τον επιτυχή πολλαπλασιασμό (Curir et al., 1993; Osterc et al., 2007), δε βρέθηκε συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας των δύο ποικιλιών και των αρχικών συγκεντρώσεων της ρουτίνης και της κερκετίνης (Πίνακες 37 και 38). Την ίδια παρατήρηση έκαναν και οι Osterc et al. (2007) όταν μελέτησαν το ρόλο των φαινολικών ενώσεων στη ριζοβολία των μοσχευμάτων κασταριάς (*Castanea crenata* x *Castanea sativa*).

Επίσης, παρατηρήθηκε σημαντική αύξηση στη συγκέντρωση της ρουτίνης και της κερκετίνης και στις δύο ποικιλίες κατά το στάδιο έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων. Αξιοσημείωτο είναι το γεγονός ότι η αύξηση στη συγκέντρωση των παραπάνω φαινολικών ενώσεων ήταν πιο έντονη για τα μοσχεύματα της εύκολης προς ριζοβολία ποικιλίας ‘Arbequina’ σε σχέση με την ‘Καλαμών’. Πιο αναλυτικά, παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση της ρουτίνης στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ ήταν κατά μέσο όρο 6,5 φορές περισσότερη από αυτή των μοσχευμάτων της ‘Καλαμών’ την περίοδο του καλοκαιριού (Σχεδ. 19στ), 3,2 φορές περισσότερη την περίοδο του φθινοπώρου (Σχεδ. 21στ) και 1,1 φορά περισσότερη την άνοιξη (Σχεδ. 23στ). Τα αποτελέσματα αυτά επιβεβαιώνουν τη θετική επίδραση των φλαβονοειδών στη ριζοβολία των διαφόρων φυτικών ειδών (Englert, 1991; Ozkaya και Celik, 1999; Curir et al., 1993; Osterc et al., 2007). Έχει βρεθεί μάλιστα ότι τα φλαβονοειδή και κυρίως οι ενώσεις με παρουσία δύο υδροξυλίων σε θέση όρθο (διφαινόλες), όπως η ρουτίνη και η κερκετίνη οξειδώνονται εύκολα με αποτέλεσμα να δρουν ως

παρεμποδιστές της δράσης του ενζύμου IAA oxidase. Επομένως, με αυτόν τον τρόπο τα παραπάνω φλαβονοειδή μπορούν να προστατεύσουν τη φυσική αυξίνη από την οξείδωση (Srivastava και van Huystee, 1977; Curir et al., 1993; Hartmann et al., 2001; Faivre-Rampant et al., 2002; Osterc et al., 2007). Σε παρόμοιο συμπέρασμα οδηγούν τα αποτελέσματα της παρούσας εργασίας καθώς η αυξημένη συγκέντρωση των οδιφαινολών στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’, σε συνδυασμό με τη μικρή ενεργότητα της IAA oxidase (τουλάχιστον υπο-τετραπλάσια της ‘Καλαμών’, βλέπε Κεφάλαιο 3), πιθανόν να συντελούν στην καλύτερη προστασία του IAA από την οξείδωση ιδιαίτερα στα πρώτα στάδια της ριζογένεσης που απαιτούνται υψηλές συγκεντρώσεις αυτού. Επομένως, η παραπάνω παρατήρηση ίσως και να δικαιολογεί τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Arbequina’.

Το γεγονός ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ που ριζοβολεί εύκολα χαρακτηρίζονται από υψηλότερη συγκέντρωση φλαβονοειδών και χλωρογενικού οξέος, αρχικά και σε ολόκληρη την πορεία της ριζοβολίας, μας οδηγεί στη διατύπωση μιας άλλης σημαντικής υπόθεσης εκτός του ρόλου τους για την προστασία του IAA. Υπάρχουν αρκετές αναφορές που κάνουν λόγο για εμπλοκή των φλαβονοειδών και του χλωρογενικού οξέος στους μηχανισμούς άμυνας των φυτών (Bennett και Wallsgrove, 1994; Dixon και Paiva, 1995; Osterc et al., 2007). Οι Dixon και Paiva (1995) παρατήρησαν συσσώρευση διαφόρων φλαβονοειδών (καεμπφερόλη και διάφορους γλυκοζίτες αυτής) σε μοσχεύματα πετούνιας ως αποτέλεσμα του τραυματισμού. Επίσης, σύμφωνα με τους Osterc et al. (2008) η συγκέντρωση του χλωρογενικού οξέος αυξάνεται στη βάση των μοσχευμάτων ως αντίδραση στον τραυματισμό. Στη δική μας περίπτωση, η καταπόνηση που δημιουργήθηκε στα μοσχεύματα από τον τραυματισμό κατά την κοπή τους πιθανόν να είχε ως αποτέλεσμα τη συσσώρευση φλαβονοειδών ενώσεων και χλωρογενικού οξέος στη βάση των μοσχευμάτων και στις δύο ποικιλίες. Κατά τους Osterc et al. (2007) τα μοσχεύματα που συσσωρεύουν περισσότερα φλαβονοειδή κυρίως ρουτίνη ριζοβολούν γρήγορα, κάτι το οποίο παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ όπου παρατηρήσαμε σχηματισμό κάλλου στις πρώτες 15 έως 20 ημέρες της ριζοβολίας. Επιπλέον, τα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ που έχουν υψηλότερη συγκέντρωση χλωρογενικού οξέος δύναται να ανταπεξέλθουν γρηγορότερα στην καταπόνηση από τον τραυματισμό της κοπής από τα μητρικά φυτά, γεγονός που πιθανόν να βοηθάει στην καλύτερη ριζοβολία των μοσχευμάτων αυτής της ποικιλίας.



Οι Curir et al. (1993) παρατήρησαν ότι τα μοσχεύματα *Chamaelaucium uncinatum* που ριζοβόλησαν σε μεγαλύτερα ποσοστά είχαν υψηλότερη συγκέντρωση λουτεολίνης. Επίσης, η εφαρμογή λουτεολίνης και ακόμα καλύτερα η εφαρμογή του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης προώθησε τη ριζοβολία στα παραπάνω μοσχεύματα. Οι δύο αυτές φλαβονοειδείς ενώσεις δρουν όπως η ρουτίνη και η κερκετίνη, δηλαδή ως παρεμποδιστές της IAA oxidase για την προστασία του IAA (Curir et al., 1993). Στην παρούσα εργασία βλέπουμε ότι η συγκέντρωση του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και της λουτεολίνης αρχικά, καθώς και σε ολόκληρη την πορεία της ριζοβολίας ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' (Σχεδ. 17ε, 17θ, 19ε, 19θ, 21ε, 21θ, 23ε και 23θ). Επιπλέον, παρατηρήθηκε αύξηση στη συγκέντρωση των παραπάνω φλαβονοειδών στο στάδιο έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων η οποία ήταν πιο έντονη για την 'εύκολη' ποικιλία (Σχεδ. 19ε, 19θ, 21θ, 23ε και 23θ). Η αυξημένη σύνθεση του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και της λουτεολίνης κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας ίσως να είχε ως αποτέλεσμα την προστασία του ενδογενούς IAA από οξειδώσεις. Συνεπώς, η διαφορά αυτή μεταξύ των δύο ποικιλιών, όσον αφορά τη συγκέντρωση των παραπάνω φλαβονοειδών θα μπορούσε εν μέρει να δικαιολογήσει τη διαφορά στην ικανότητα ριζοβολίας των δύο ποικιλιών. Επιπλέον, βρέθηκε θετική συσχέτιση μεταξύ της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της 'Arbequina' και των αρχικών συγκεντρώσεων του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και της λουτεολίνης (Πίνακας 35), γεγονός που αποδεικνύει ότι αυτές οι δύο φλαβονοειδείς ενώσεις δρουν θετικά στην προώθηση της ριζοβολίας για τη συγκεκριμένη ποικιλία.

Εκτός των παραπάνω φαινολικών ενώσεων, τα αποτελέσματα της παρούσας εργασίας δείχνουν ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' είχαν υψηλότερη συγκέντρωση υδροξυτυροσόλης και τυροσόλης αρχικά και κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας (Σχεδ. 17α, 17β, 19α, 19β, 21α, 21β, 23α και 23β). Επιπλέον, αυτές οι φαινολικές ενώσεις βρέθηκε να συσχετίζονται θετικά με τη ριζοβολία της παραπάνω ποικιλίας (Πίνακας 35). Το γεγονός αυτό μας επιτρέπει να υποθέσουμε ότι οι παραπάνω φαινολικές αλκοόλες ίσως να προωθούν τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' καθώς προστατεύουν το IAA από την οξείδωση όπως και οι ο-διφαινόλες (Basak et al., 1995; Trobec et al., 2005; Patel και Thaker, 2007).

Αντίθετα, η συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη και της ελευρωπαΐνης (με εξαίρεση το καλοκαίρι) ήταν υψηλότερη στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' (Σχεδ. 17δ, 17ζ, 19δ, 19ζ, 21δ, 21ζ, 23δ και 23ζ). Ο βερμπασκοζίτης ως γλυκοζίτης

του καφεϊκού οξέος και της υδροξυτυροσόλης, καθώς και η ελευρωπαϊνή ως ετεροσιδικός γλυκοζίτης του ελενολικού οξέος και της υδροξυτυροσόλης, ίσως να προωθούν τη ριζοβολία, αφού το καφεϊκό οξύ, το ελενολικό οξύ και η υδροξυτυροσόλη ως μονάδες ασκούν θετική επίδραση στη ριζοβολία (Trobec et al., 2005; Osterc et al. 2008). Ωστόσο, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ριζοβόλησαν σε πολύ χαμηλά επίπεδα. Επίσης, δεν θα πρέπει να παραλειφθεί το γεγονός ότι οι διάφορες φαινολικές ενώσεις δρουν συνεργιστικά μεταξύ τους (Osterc et al., 2008). Επομένως, η χαμηλή ριζοβολία της ‘Καλαμών’ θα μπορούσε να αποδοθεί στο γεγονός ότι εκτός του βερμπασκοζίτη και της ελευρωπαϊνής, όλες οι άλλες φαινολικές ενώσεις, που προάγουν τη ριζοβολία, οι ‘θετικές’ φαινολικές ενώσεις κατά τους Osterc et al. (2008), απαντώνται σε αρκετά χαμηλές συγκεντρώσεις συγκριτικά με την ποικιλία ‘Arbequina’. Επιπλέον, η ενεργότητα της IAA oxidase ήταν πάρα πολύ υψηλή στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (βλέπε Κεφάλαιο 3). Αυτό θα μπορούσε να έχει ως συνέπεια οι ‘θετικές’ φαινολικές ενώσεις να μην επαρκούν ή να μην μπορούν να εκφράσουν την ‘ευεργετική’ τους επίδραση κάτι που αφορά κυρίως στην προστασία της ενδογενούς αυξίνης δια μέσου της παρεμπόδισης της IAA oxidase, με αποτέλεσμα τα χαμηλά ποσοστά ριζοβολίας.

Παρόλα αυτά, είναι δύσκολο να καθοριστεί η ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων αποκλειστικά και μόνο από το προφίλ των φαινολικών ενώσεων πόσο μάλλον από τις ολικές φαινολικές ενώσεις. Επιπλέον, οι φαινολικές ενώσεις έχουν την ικανότητα να αλληλεπιδρούν με άλλες ενώσεις, γεγονός που καθιστά ακόμα πιο δύσκολο τον προσδιορισμό της ακριβούς επίδρασης μιας και μόνο φαινολικής ένωσης στη ριζοβολία. Τέλος, αφού τα φαινολικά επηρεάζουν τη συγκέντρωση του IAA κρίνεται απαραίτητο να μελετηθεί ταυτόχρονα πώς μεταβάλλονται οι συγκεντρώσεις τους στην πορεία της ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Καλαμών’ και ‘Arbequina’, ώστε να εξαχθούν ασφαλή συμπεράσματα για τον ρόλο των φαινολικών ενώσεων στη ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς.

## 5. Συμπεράσματα

Οι ολικές φαινολικές ενώσεις μειώνονται σημαντικά και στις δύο ποικιλίες κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας γεγονός που δείχνει ότι πιθανόν να έδρασαν ως συνεργιστές για το σχηματισμό συμπλόκων με το IAA, που τελικά οδήγησε σε μείωση της συγκέντρωσής τους ή ότι χρησιμοποιήθηκαν λιγότερο ή περισσότερο στον αμυντικό μηχανισμό των μοσχευμάτων μετά την κοπή (τραυματισμό) τους από το μητρικό φυτό. Ωστόσο, στην ποικιλία 'Arbequina' φαίνεται ότι υπήρξε μεγαλύτερη χρήση των φαινολικών ουσιών που οδήγησε τελικά στο σχηματισμό των τυχαίων ριζών, καθώς στην ποικιλία αυτή η αύξηση της ενεργότητας της PPO συνέπεσε με τη μείωση των ολικών φαινολικών ενώσεων κατά το στάδιο αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών. Επίσης, τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' είχαν υψηλότερη συγκέντρωση ρουτίνης, κερκετίνης, 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και λουτεολίνης, αρχικά καθώς και στο μεγαλύτερο διάστημα της πορείας της ριζοβολίας. Είναι γνωστό ότι αυτές οι φλαβονοειδείς ενώσεις δρουν ως παρεμποδιστές της IAA oxidase για την προστασία του IAA. Στην ίδια ποικιλία παρατηρήθηκε αυξημένη συγκέντρωση CGA, το οποίο αποτελεί ένα σημαντικό ανταγωνιστή του IAA για οξείδωση από το ένζυμο IAA oxidase. Επίσης, η ενεργότητα της IAA oxidase (όπως προέκυψε από το Κεφάλαιο 3) ήταν πολύ μικρή στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' σε σχέση με της 'Καλαμών' και σε συνδυασμό με την αυξημένη συγκέντρωση των παραπάνω φαινολικών ενώσεων, συμπεραίνεται ότι στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' πιθανόν να εναπομένει μεγαλύτερη ποσότητα ενδογενούς φυσιικής αυξίνης, με αποτέλεσμα την καλύτερη ριζοβολία τους. Επομένως, ως τελικό συμπέρασμα προκύπτει ότι οι φαινολικές ουσίες πιθανόν να δρουν ως συνεργιστές της ριζοβολίας, προστατεύοντας και προωθώντας τη δράση της ενδογενούς φυσιικής αυξίνης.

## 6. Βιβλιογραφία

- Aloni, R., Langhans, M., Aloni, E., Ullrich, C.I., 2006. Role of auxin in regulating Arabidopsis flower development. *Planta* 223, 315–328.
- Arnous, A., Makris, D.P., Kefalas, P., 2002. Correlation of pigment and flavanol content with antioxidant properties in selected aged regional wines from Greece. *Journal of Food Composition and Analysis* 15, 655-665.
- Bamdad, F., Goli, A.H., Kadivar, M., 2006. Preparation and characterization of proteinous film from lentil (*Lens culinaris*) edible film from lentil (*Lens culinaris*). *Food Research International* 39, 106-111.
- Basak, U.C., Das, A.B., Das, P., 1995. Metabolic changes during rooting in stem cuttings of five mangrove species. *Plant Growth Regulation* 17, 141-148.
- Batish, D.R., Singh, H.P., Kaur, S., Kohli, R.K., Yadav, S.S., 2008. Caffeic acid affects early growth and morphogenetic response of hypocotyl cuttings of mung bean (*Phaseolus aureus*). *Journal of Plant Physiology* 165, 297-305.
- Bais, H.P., Vepachedu, R., Gilroy, S., Callaway, R.M., Vivanco, J.M., 2003. Allelopathy and exotic plant invasion: from molecules and genes to species interactions. *Science* 301, 1377-1380.
- Bennett, R.C., Wallsgrave, R.M., 1994. Secondary metabolites in plant defense mechanisms. *New Phytologist* 127, 617-633.
- Caboni, E., Lauri, P., Tonelli, M.G., Iacovacci, P., Damiano, C., 1997. Biochemical and molecular factors affecting *in vitro* rooting ability in almond, in: Altman A., Waisel, Y. (Eds), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 117-124.
- Crozier, A., Jaganath, I.B., Clifford, M.N., 2009. Dietary phenolics: Chemistry, bioavailability and effects on health. *Natural Product Reports* 26, 1001-1043.
- Curir, P., Sulis, S., Mariani, F., van Sumere, C.F., Marchesini, A., Dolci, M., 1993. Influence of endogenous phenols on rootability of *Chamaelaucium uncinatum* Schauer stem cuttings. *Scientia Horticulturae* 55, 103-314.
- D'Archivio, M., Filesi, C., Di Benedetto, R., Gargiulo, R., Giovannini, C., Masella, R., 2007. Polyphenols, dietary sources and bioavailability. *Annali dell'Istituto Superiore di Sanità* 43(4), 348-361.

- Di Donna, L., Mazzotti, F., Salerno, R., Tagarelli, A., Taverna, D., Sindona, G., 2007. Characterization of new phenolic compounds from leaves of *Olea europaea* L. by high-resolution tandem mass spectrometry. *Mass Spectrometry* 21, 3653-3657.
- Dixon, R.A., Paiva, N.L., 1995. Stress-induced phenylpropanoid metabolism. *The Plant Cell* 7, 1085-1097.
- Englert, J.M., Maynard, B.K., Bassuk, N.L., 1991. Correlation of phenolics with etiolated and light-grown shoots of *Carpinus betulus* stockplants. *Combined Proceedings International Plant Propagators Society* 41, 290-295.
- Faivre-Rampant, O., Charpentier, J.P., Kevers, C., Dommès, J., van Onckelen, H., Jay-Allemand, C., Gaspar, T., 2002. Cuttings of the non-rooting rac tobacco mutant overaccumulate phenolic compounds. *Functional Plant Biology* 29, 63-71.
- Gaspar, T., Kevers, C., Penel, C., Greppin, H., Reid, D.M., Thorpe, T.A., 1996. Plant hormones and plant growth regulators in plant tissue culture. *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant* 32, 272-289.
- Hartmann, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T., Geneve, R.L., 2001. *Plant propagation principles and practices*. 5<sup>th</sup> Edn. Prentice-Hall, New Jersey.
- Jones, C.G., Hartley, S.E., 1999. A protein completion model of phenolic allocation. *Oikos* 86, 27-44.
- Krylov, S.N., Aguda, B.D., Ljubimova, M.L., 1995. Bistability and reaction thresholds in the phenol-inhibited peroxidase-catalyzed oxidation of indole-3-acetic acid. *Biophysical Chemistry* 53, 213-218.
- Lavee, S., Avidan, N., Pierik, R.L.M., 1994. Chlorogenic acid - an independent morphogenesis regulator or a cofactor. *Acta Horticulturae* 381, 405-412.
- Lee, T.T., Skoog, F., 1965. Effects of substituted phenols on bud formation and growth of tobacco tissue cultures. *Physiologia Plantarum* 18, 386-402.
- Martens, S., Mithöfer, A., 2005. Flavones and flavones synthases. *Phytochemistry* 66, 2399-2407.
- Nag, S., Saha, K., Choudhuri, M.A., 2001. Role of auxin and polyamines in adventitious root formation in relation to changes in compounds involved in rooting. *Journal of Plant Growth Regulation* 20, 182-194.
- Osterc, G., Trobec, M., Usenik, V., Solar, A., Stampar, F., 2004. Changes in polyphenols in leafy cuttings during the root initiation phase regarding various cuttings types at *Castanea*. *Phyton Annales Rei Botanicae* 44, 109-119.

- Osterc, G., Stefancic, M., Solar, A., Stampar, F., 2007. Potential involvement of flavonoids in the rooting response of chestnut hybrid (*Castanea crenata* x *Castanea sativa*) clones. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 47, 96-102.
- Osterc, G., Stefancic, M., Solar, A., Stampar, F., 2008. Phenolic content in cuttings of two clones of hybrid chestnut (*Castanea crenata* x *Castanea sativa*) in the first days after cutting severance. *Acta Agriculturae Scandinavica Section B-Soil and Plant Science* 58, 162-168.
- Ozkaya, M.T., Celik, M. 1999. Qualitative analysis of phenolic compounds in olive cuttings. *Acta Horticulturae* 474, 477-480.
- Patel, D., Thaker, V., 2007. Role of cell wall stiffening enzymes in internode development of *Merremia emarginata*. *General and Applied Plant Physiology* 33(1-2), 25-39.
- Qaddoury, A., Amssa, M., 2004. Effect of exogenous indole butyric acid on root formation and peroxidase and indole-3-acetic acid oxidase activities and phenolic contents in date Palm offshoots. *Botanical Bulletin of Academia Sinica* 45, 127-131.
- Rabin, R.S., Klein, R.M., 1957. Chlorogenic acid as a competitive inhibitor of indoleacetic acid oxidase. *Archives of Biochemistry and Biophysics* 70, 11-15.
- Roussos, P., Pontikis, C.A., 2001. Phenolic compounds in olive explants and their contribution to browning during the establishment stage *in vitro*. *Gartenbauwissenschaft* 66, 298-303.
- Savarese, M., De Marco, E., Sacchi, R., 2007. Characterization of phenolic extracts from olives (*Olea europaea* cv. Pisciottana) by electrospray ionization mass spectrometry. *Food Chemistry* 105, 761-770.
- Silva, S., Gomes, L., Leitao, F., Coelho, A.V. and Vilas Boas, L., 2006. Phenolic compounds and antioxidant activity of *Olea europaea* L. fruits and leaves. *Food Science and Technology International*, 12(5): 385-396.
- Skerget, M., Ktnik, P., Hadolin, M., Hras, A. R., Simonic, M., Knez, Z., 2005. Phenols, proanthocyanidins, flavones and flavonols in some plant materials and their antioxidant activities. *Food Chemistry* 89, 191-198.
- Srivastava, O.P., van Huystee, R.B., 1977. IAA oxidase and polyphenol oxidase activities of peanut peroxidase isoenzymes. *Phytochemistry* 16, 1527-1530.

- Stefancic, M., Stampar, F., Veberic, R., Osterc, G., 2007. The levels of IAA, IAAsp and some phenolics in cherry rootstock 'Gisela 5' leafy cuttings pretreated with IAA and IBA. *Scientia Horticulturae* 112, 399-405.
- Taiz, L., Zeiger, E., 2006. *Plant physiology*, 4<sup>th</sup> Edition, Sinauer Associates, Inc.
- Tchinda, N.D., Messi, H.J., Fotso, Nzweundji, G., Oumar, D., Dongmo, B., Sanonne, Agbor, G.A., Ndoumou, D.O., 2013. Biochemical aspects of single-node cuttings of *Riciodendron heudelotii* (Baill.) in relation with rooting. *African Journal of Biotechnology* 12(10), 1049-1056.
- Trobec, M., Stampar, F., Veberic, R., Osterc, G., 2005. Fluctuations of different endogenous phenolic compounds and cinnamic acid in the first days of the rooting process of cherry rootstock 'GiSela 5' leafy cuttings. *Journal of Plant Physiology* 162, 589-597.
- Vermerris, W., Nicholson, R.L., 2006. *Phenolic compound biochemistry*. Springer Publishers, The Netherlands.
- Volpert, R., Osswald, W., Elstner, E., 1995. Effects of cinnamic acid derivatives on indole acetic acid oxidation by peroxidase. *Phytochemistry* 38, 19-22.

## **Μέρος Τρίτο**

**Επίδραση της εξωγενούς εφαρμογής  
χλωρογενικού οξέος και διαφόρων  
άλλων ουσιών στη ριζοβολία των  
φυλλοφόρων μοσχευμάτων ελιάς  
ποικιλίας ‘Καλαμών’**





## Περίληψη

Σκοπός στο παρόν κεφάλαιο ήταν η αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων της δύσκολης ποικιλίας ‘Καλαμών’ εφαρμόζοντας εξωγενώς χλωρογενικό οξύ και άλλες χημικές ενώσεις. Συνολικά πραγματοποιήθηκαν τρία πειράματα ριζοβολίας σε χρονική διάρκεια δύο ετών (2010-2012). Στο πρώτο πείραμα χρησιμοποιήθηκαν μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Agbequina’ και της ποικιλίας ‘Καλαμών’, ενώ τα άλλα δύο πειράματα πραγματοποιήθηκαν μόνο σε μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Στο τρίτο πείραμα εκτός από το ποσοστό ριζοβολίας μετρήθηκαν οι συγκεντρώσεις των διαλυτών σακχάρων, των φαινολικών ενώσεων, των πολυαμινών και η ενεργότητα ορισμένων ενζύμων στη βάση των φυλλοφόρων μοσχευμάτων.

Τα αποτελέσματα του πρώτου πειράματος έδειξαν ότι η καλύτερη περίοδος για ριζοβολία της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ήταν το φθινόπωρο, ενώ τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Agbequina’ ριζοβόλησαν σε υψηλά ποσοστά και τις δύο εποχές (καλοκαίρι και φθινόπωρο). Για την περίοδο του καλοκαιριού στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Agbequina’ το υψηλότερο ποσοστό ριζοβολίας (89%) επιτεύχθηκε με την εφαρμογή 5% σακχαρόζης, ενώ το φθινόπωρο τα υψηλότερα ποσοστά που έφθαναν στο 100% των μοσχευμάτων με την εφαρμογή 10 mM πουτρεσκίνης για 30 min, καθώς 10 mM χλωρογενικού οξέος ή ρουτίνης στο υπόστρωμα ριζοβολίας. Αντίθετα, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ για την περίοδο του καλοκαιριού τα ποσοστά ριζοβολίας ήταν πάρα πολύ χαμηλά (0-4%). Εντούτοις, το φθινόπωρο η ριζοβολία στην ποικιλία ‘Καλαμών’ έφτασε σε ποσοστό 25%, δηλαδή αυξήθηκε κατά 400% σε σχέση με το IBA, με την εφαρμογή 0,1 mM CGA για 30 min.

Στο δεύτερο πείραμα η εποχή είχε σημαντική επίδραση στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’, με τα υψηλότερα ποσοστά να παρατηρούνται πάλι το φθινόπωρο. Το καλοκαίρι τα ποσοστά σήψεων ήταν ιδιαίτερα αυξημένα και τα ποσοστά ριζοβολίας πολύ χαμηλά 0-5%. Το φθινόπωρο, η εφαρμογή CGA για 30 min ανεξαρτήτου συγκέντρωσης αύξησε σημαντικά τη ριζοβολία με τη συγκέντρωση των 0,1 mM να παρουσιάζει το υψηλότερο ποσοστό ριζοβολίας (25%), ακολούθησε η συγκέντρωση 0,05 mM (24%) και τέλος η συγκέντρωση 0,5 mM με 22%.

Τα αποτελέσματα του τρίτου πειράματος έδειξαν ότι η εξωγενής εφαρμογή 0,1 mM CGA, όπως και στα προηγούμενα πειράματα, προώθησε σημαντικά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (25%). Επίσης, τα μοσχεύματα

που μεταχειρίστηκαν με 0,1 mM CGA για 30 min είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση σταχυόζης, ραφινόζης, σακχαρόζης, γλυκόζης, ολικών σακχάρων και αμύλου σε σχέση με αυτά του μάρτυρα. Αντιθέτως, η συγκέντρωση της φρουκτόζης ήταν σημαντικά υψηλότερη στα μοσχεύματα του μάρτυρα, ενώ της μαννιτόλης δεν επηρεάστηκε από τις επεμβάσεις. Επίσης, στα μοσχεύματα που δέχτηκαν την εφαρμογή του χλωρογενικού οξέος η συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων, ολικών ο-διφαινολών, ολικών φλαβονοειδών, ολικών φλαβονολών, ολικής πουτρεσκίνης, ολικής σπερμιδίνης καθώς και ολική συγκέντρωση πολυαμινών ήταν υψηλότερη από αυτή του μάρτυρα. Από τις μεμονωμένες φαινολικές ενώσεις η υδροξυτυροσόλη, η τυροσόλη, ο βερμπασκοζίτης και ο 7-γλυκοζίτης της λουτεολίνης είχαν αυξημένη συγκέντρωση στα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με CGA, ενώ για τα ίδια μοσχεύματα η ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase ήταν στατιστικά σημαντικά μειωμένη. Συμπεραίνεται ότι, το CGA μπορεί να χρησιμοποιηθεί εξωγενώς στα μοσχεύματα της 'Καλαμών' για να προωθήσει τη ριζοβολία σε ικανοποιητικά επίπεδα και ότι η δράση του μπορεί να σχετίζεται και με την ευνοϊκή για τη ριζοβολία επίδρασή του στις συγκεντρώσεις των διαλυτών σακχάρων, φαινολικών ενώσεων, πολυαμινών και την ενεργότητα ορισμένων ενζύμων.

## 1. Εισαγωγή

Στα προηγούμενα κεφάλαια έγινε αναφορά στο ρόλο των διαφόρων βιοχημικών παραγόντων στη ριζοβολία των μοσχευμάτων. Για να γίνει κατανοητός ο ρόλος των ενώσεων αυτών στον έλεγχο της ριζογένεσης ήταν απαραίτητο να ταυτοποιηθούν αυτές οι χημικές ενώσεις, να συσχετιστούν οι αρχικές συγκεντρώσεις τους καθώς και οι μεταβολές τους στην πορεία της ριζοβολίας με την ικανότητα των μοσχευμάτων για ριζοβολία. Τα αποτελέσματα των προηγούμενων πειραμάτων έδειξαν σημαντικές διαφορές μεταξύ των ποικιλιών ‘Καλαμών’ και ‘Arbequina’ στα ενδογενή επίπεδα των διαφόρων βιοχημικών παραγόντων, γεγονός το οποίο θα μπορούσε να αιτιολογήσει τη διαφορά στα ποσοστά ριζοβολίας που εμφάνισαν οι δύο ποικιλίες. Επίσης, παρατηρήθηκε ότι η εφαρμογή μόνο της αυξίνης δεν ήταν ικανή να προωθήσει τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ σε αντίθεση με αυτά της ποικιλίας ‘Arbequina’. Επομένως, η εξωγενής εφαρμογή ορισμένων ουσιών που μελετήθηκαν στα προηγούμενα κεφάλαια πιθανόν να μπορεί να αυξήσει το ποσοστού ριζοβολίας στην ‘Καλαμών’ δρώντας συνεργιστικά με την αυξίνη.

Διάφοροι ερευνητές έχουν προσπαθήσει να διευκρινίσουν το ρόλο των υδατανθράκων στη ριζοβολία διερευνώντας την αντίδραση των μοσχευμάτων στους εξωγενώς παρεχόμενους υδατάνθρακες (Nanda et al., 1971; Wiesman και Lavee, 1995; Yoo και Kim, 1996). Έχει βρεθεί ότι η απορρόφηση και η μεταφορά των εξωγενώς εφαρμοζόμενων υδατανθράκων στα μοσχεύματα γίνεται δια μέσου του ξύλου εν αντιθέσει με τους ενδογενείς υδατάνθρακες οι οποίοι διακινούνται δια μέσου του ηθμού (Veierskov, 1989; Flora και Madore, 1993). Επιπλέον, οι εξωγενώς εφαρμοζόμενοι υδατάνθρακες εκτός από πηγή ενέργειας μπορούν να προκαλέσουν αύξηση του οσμωτικού δυναμικού επιδρώντας στο υδατικό ισοζύγιο εντός του μοσχεύματος. Η χρήση όμως πολύ υψηλών συγκεντρώσεων μπορεί να έχει τοξικές επιδράσεις στους ιστούς των μοσχευμάτων (Veierskov, 1989).

Σύμφωνα με τον Couvillon (1988) η εξωγενής εφαρμογή σακχαρόζη σε συγκέντρωση 2% ήταν ικανή να προωθήσει τη ριζοβολία σε μοσχεύματα *Hibiscus rosa-sinensis*. Υπάρχουν επίσης αναφορές όπου η εξωγενής εφαρμογή σακχαρόζης σε συγκέντρωση 2% αύξησε τα ποσοστά ριζοβολίας κατά 33% σε διάφορα ξυλώδη είδη, κυρίως όμως υπό συνθήκες μειωμένου φωτισμού (Veierskov, 1989). Ο Fuchs (1986) παρατήρησε ικανοποιητική ριζοβολία σε μοσχεύματα *Rosa multiflora* κατόπιν εφαρμογής 5% σακχαρόζης. Η ριζοβολία και ο αριθμός των ριζών ανά μόσχευμα σε

φυτά *Populus nigra* αυξήθηκαν όταν αυτά μεταχειρίστηκαν με 5% γλυκόζη σε συνδυασμό με αυξίνη (Nanda et al., 1971). Για το ίδιο φυτικό υλικό η εφαρμογή γλυκόζης χωρίς αυξίνη βρέθηκε να είναι αναποτελεσματική για την προώθηση της ριζοβολίας. Τέλος, οι Ernsten και Hansen (1986) αναφέρουν ότι οι εξωγενείς εφαρμογές υδατανθράκων σε υψηλές συγκεντρώσεις παρεμποδίζουν τη ριζοβολία σε διάφορα φυτικά είδη όπως τα *Pinus nigra*, *Sinapis alba* L. και *Raphanus sativus* L.

Η εξωγενής εφαρμογή πολυαμινών όπως και πρόδρομων αυτών ουσιών (ορνιθίνη, αργινίνη) επιδρά θετικά στη ριζοβολία των μοσχευμάτων στις περισσότερες περιπτώσεις. Εξωγενής εφαρμογή πουτρεσκίνης σε συνδυασμό με αυξίνη, προώθησε ικανοποιητικά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς ακόμα και σε δυσμενείς περιόδους και επιτάχυνε τη ριζογένεση (Rugini et al., 1990, 1991 και 1997; Sebastiani και Tognetti, 2004). Οι Zilkah et al. (2006) αναφέρουν ότι η εφαρμογή πουτρεσκίνης διπλασίασε το ποσοστό ριζοβολίας στα δύσκολα προς ριζοβολία μοσχεύματα του υποκειμένου 'GF-677' σε σχέση με την εφαρμογή μόνο του IBA. Επίσης, αύξησε σημαντικά το βάρος και τον αριθμό των ριζών ανά μόσχευμα. Σύμφωνα με τους Tiburcio et al. (1989) η εφαρμογή πουτρεσκίνης έδρασε συνεργιστικά με το IBA για την προώθηση της ριζοβολίας σε έκφυτα *Datura innoxia*. Ο συνδυασμός πουτρεσκίνης, σπερμίνης και σπερμιδίνης αύξησε το σχηματισμό ριζών σε φυτά *Picea abies*, όπως και η αργινίνη (πρόδρομη ουσία της πουτρεσκίνης) σε μοσχεύματα *Hibiscus* sp. (Tiburcio et al., 1989). Η εφαρμογή πουτρεσκίνης, σπερμιδίνης και cyclohexylamine (CHA), απουσία αυξίνης, στο υπόστρωμα ριζοβολίας σε *in vitro* καλλιέργεια του υποκειμένου μηλιάς 'MM106' αύξησε τα ποσοστά ριζοβολίας (Naija et al., 2009). Επίσης, η εφαρμογή πουτρεσκίνης, σπερμίνης και σπερμιδίνης αναλόγως της συγκέντρωσης προώθησαν ή έδρασαν ανασταλτικά στη ριζοβολία των μοσχευμάτων *Pinus virginiana* Mill. (Tang και Newton, 2005). Τέλος, οι Cristofori et al. (2010) αναφέρουν ότι η πουτρεσκίνη μπορεί να αυξήσει τα ποσοστά ριζοβολίας καθώς και την ποιότητα των ριζών σε μοσχεύματα ορισμένων ποικιλιών φουντουκιάς.

Ωστόσο, η εξωγενής επίδραση των πολυαμινών εξακολουθεί να είναι αμφιλεγόμενη, καθώς σε φυτά *Vigna radiata* οι εξωγενώς εφαρμοζόμενες πολυαμίνες (πουτρεσκίνη, σπερμίνη και σπερμιδίνη) σε συγκέντρωση 0,1 mM φαίνεται να μην προωθούν το σχηματισμό τυχαίων ριζών. Στην πραγματικότητα, η πουτρεσκίνη και η σπερμίνη ανέστειλαν ελαφρώς τη ριζοβολία και σε υψηλότερες συγκεντρώσεις (0,5

mM) ήταν τοξικές (Friedman et al., 1982). Επίσης, οι Sankhla και Upadhyaya (1988) αναφέρουν ότι η εφαρμογή σπερμίνης και σπερμιδίνης σε υποκοτύλια φασολιού δεν αύξησε τα ποσοστά ριζοβολίας. Η εφαρμογή σπερμίνης ακόμα και σε συνδυασμό με IBA δεν επηρέασε θετικά τη ριζοβολία σε μοσχεύματα ελιάς (Rugini et al., 1990), σε αντίθεση με την εφαρμογή της σε μοσχεύματα φασολιού (Tiburcio et al., 1989). Οι Hausman et al. (1997), αναφέρουν ότι η εξωγενώς εφαρμοζόμενη πουτρεσκίνη ευνόησε τη ριζοβολία σε διάφορα φυτικά είδη (*Nicotiana tabacum*, *Prunus avium*, *Beta vulgaris*, *Populus* spp.), εν αντιθέσει με τη σπερμίνη και τη σπερμιδίνη που φαίνεται να δρουν ανασταλτικά της ριζοβολίας για το ίδιο φυτικό υλικό.

Η εξωγενής εφαρμογή φαινολικών ουσιών μπορεί να βελτιώσει τη ριζοβολία των μοσχευμάτων αλλά αυτό εξαρτάται από το είδος και τη συγκέντρωση των εφαρμοζόμενων φαινολικών ενώσεων καθώς επίσης και από τα ενδογενή τους επίπεδα (Trobec et al., 2005). Σύμφωνα με διάφορες μελέτες, μερικές φαινολικές ενώσεις προωθούν τη ριζοβολία, άλλες καθόλου, ενώ υπάρχουν και άλλες που την αναστέλλουν. Ανάμεσα στις φαινολικές ενώσεις που έχουν εφαρμοστεί εξωγενώς με επιτυχία είναι η κατεχόλη, το χλωρογενικό οξύ και η ρουτίνη (Trobec et al., 2005). Σε βιοδοκιμές που έχουν γίνει βρέθηκε ότι η ισοοριεντίνη, η οριεντίνη, η λουτεολίνη και ο 7-γλυκοζίτης της λουτεολίνης παρουσία IAA προώθησαν σημαντικά τη ριζοβολία σε μοσχεύματα *Chamaelaucium uncinatum* (Curir et al., 1993). Αυτές οι φλαβονοειδείς ενώσεις έχουν ορθο-διϋδροξυ δομή στο μόριό τους και ενδεχομένως να δρουν ως παρεμποδιστές της IAA oxidase. Επίσης υπάρχουν αρκετές αναφορές ότι η εφαρμογή χλωρογενικού οξέος προωθεί τη δράση του IAA σε διάφορα ξυλώδη είδη (Hartmann et al., 2001; Osterc et al., 2008). Οι Lavee et al. (1994) αναφέρουν ότι η εφαρμογή κινναμικού, φερουλικού και χλωρογενικού οξέος στο υπόστρωμα ριζοβολίας μοσχευμάτων ελιάς αύξησε την παραγωγή κάλλου ακόμα και απουσία αυξίνης. Τέλος, καλά ποσοστά ριζοβολίας επιτεύχθηκαν με την εφαρμογή φερουλικού οξέος (DeKlerk et al., 1999) καθώς επίσης και ο συνδυασμός κινναμικού οξέος και IBA προώθησε τη ριζοβολία σε μοσχεύματα 'GiSelA 5' (Trobec et al., 2005).

Αντιθέτως, οι Curir et al. (1993) παρατήρησαν σε βιοδοκιμές και σε εξωγενείς εφαρμογές ότι το κινναμικό οξύ συμπεριφέρεται ως ισχυρός παρεμποδιστής της ριζοβολίας των μοσχευμάτων *Chamaelaucium uncinatum*. Επιπλέον, η κατεχίνη φαίνεται να είναι κι αυτή ισχυρός παρεμποδιστής της ριζοβολίας καθώς προκαλεί

θάνατο των ριζικών κυττάρων (Bais et al., 2003). Η εξωγενής εφαρμογή p-κουμαρικού οξέος και p-υδροξυβενζοϊκού οξέος σε υποκοτύλια *Phaseolus aureus* προκάλεσε μείωση του ριζικού συστήματος και αύξηση της δράσης της POD που συνετέλεσε στην υπεροξειδωση των λιπιδίων (Batish et al., 2008). Οι Faivre-Rampant et al. (2002) παρατήρησαν ότι η εφαρμογή κατεχόλης σε ετήσια φυτά παρουσία χλωρογενικού οξέος έδρασε ως ισχυρός παρεμποδιστής της ριζοβολίας. Τέλος, σε μοσχεύματα ελιάς, το p-κουμαρικό οξύ οδήγησε σε μικρή ανάπτυξη κάλλου, ενώ το καφεϊκό οξύ δεν είχε καμία επίδραση στη ριζοβολία (Lavee et al., 1994).

Σκοπός στο παρόν κεφάλαιο ήταν η αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων της δύσκολης ποικιλίας ‘Καλαμών’ εφαρμόζοντας εξωγενώς στα μοσχεύματά της διάφορες χημικές ενώσεις που είτε υπάρχουν στην ποικιλία ‘Arbequina’ σε μεγαλύτερη συγκέντρωση ή έχει αναφερθεί στη βιβλιογραφία ότι οι ενώσεις αυτές δρουν προωθητικά της ριζοβολίας.

## 2. Υλικά και Μέθοδοι

Τα πειράματα διεξήχθησαν στη μονάδα υδρονέφωσης που διαθέτουν τα φυτώρια Κωστελένου στον Πόρο Τροιζηνίας. Συνολικά πραγματοποιήθηκαν τρία πειράματα ριζοβολίας σε χρονική διάρκεια δύο ετών (2010-2012), τα οποία έλαβαν χώρα σε δύο περιόδους το καλοκαίρι και το φθινόπωρο.

### 2.1 Πείραμα Α

#### 2.1.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και φυτικό υλικό

Στόχος του πειράματος Α ήταν η εύρεση της καλύτερης εξωγενώς εφαρμοζόμενης ουσίας και της συγκέντρωσης αυτής για την αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς και κύρια της ποικιλίας ‘Καλαμών’.

Το πρώτο πείραμα έλαβε χώρα τη χρονική περίοδο του καλοκαιριού (Ιούλιος-Οκτώβριος, 2010), και επαναλήφθηκε το φθινόπωρο (Οκτώβριος 2010-Ιανουάριος 2011). Χρησιμοποιήθηκαν μοσχεύματα των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ που προέρχονταν από ημιξυλοποιημένη νέα βλάστηση από μητρικά φυτά ηλικίας 15 ετών τα οποία είχαν δεχτεί όλες τις απαραίτητες καλλιεργητικές φροντίδες (πότισμα, λίπανση, φυτοπροστασία), ώστε να εξασφαλιστεί υγιή και εύρωστη νέα βλάστηση, που θα αποτελέσει την πηγή μοσχευμάτων. Οι διαστάσεις των μοσχευμάτων ήταν όσο το δυνατόν τυποποιημένες προς αποφυγή παραλλακτικότητας, με μήκος περίπου 7 cm και πάχος μικρότερο από 5 mm. Τέλος τα μοσχεύματα και των δύο ποικιλιών έφεραν 4 φύλλα.

#### 2.1.2 Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων

Στη βάση των μοσχευμάτων πριν φυτευτούν εφαρμόστηκαν οι πιο κάτω επεμβάσεις:

- α. Υδατικό διάλυμα πουτρεσκίνης (Put) σε συγκεντρώσεις 0,1 mM, 0,5 mM, 1 mM ή 10 mM για 30 min.
- β. Υδατικό διάλυμα CGA σε συγκεντρώσεις 0,1 mM, 0,5 mM, 1 mM ή 10 mM για 30 min.
- γ. Υδατικό διάλυμα CGA σε συγκεντρώσεις 0,1 mM, 0,5 mM, 1 mM ή 10 mM για 18 h.
- δ. Υδατικό διάλυμα ρουτίνης σε συγκεντρώσεις 0,1 mM, 0,5 mM, 1 mM ή 10 mM για 30 min.



ε. Υδατικό διάλυμα ρουτίνης σε συγκεντρώσεις 0,1 mM, 0,5 mM, 1 mM ή 10 mM για 18 h.

στ. Υδατικό διάλυμα σακχαρόζης σε συγκεντρώσεις 0,3%, 1%, 5% ή 10 % για 18 h.

ζ. Υδατικό διάλυμα γλυκόζης ή μαννιτόλης σε συγκέντρωση 5% για 18 h.

Στη συνέχεια όλα τα μοσχεύματα αφέθηκαν να στεγνώσουν για 5 min και η βάση τους εμβαπτίστηκε για 5 sec σε ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> διαλυμένο σε 45% v/v αιθανόλη/απεσταγμένο νερό. Μερικά μοσχεύματα μεταχειρίστηκαν μόνο με ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> για 5 sec για 18 h. Τα μοσχεύματα που χρησιμοποιήθηκαν ως μάρτυρας εμβαπτίστηκαν για 5 sec ή για 18 h σε διάλυμα 45% v/v αιθανόλης/απεσταγμένου νερού. Για τη φύτευση των μοσχευμάτων χρησιμοποιήθηκαν θήκες (jiffy pots) με οργανικό υπόστρωμα που είχε βάση την τύρφη (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands), όπου κάθε μία θήκη περιελάμβανε 240 θέσεις μοσχευμάτων. Επίσης, έγιναν πρόσθετες επεμβάσεις στο υπόστρωμα σε συνδυασμό με τις επεμβάσεις που αναφέρθηκαν πιο πάνω. Σε ορισμένο αριθμό μοσχευμάτων εφαρμόστηκαν με πιπέτα σε κάθε θέση του υποστρώματος (θήκη) και σε όγκο 5 mL τα παρακάτω σκευάσματα: α) υδατικό διάλυμα Put σε συγκέντρωση 10 mM, β) υδατικό διάλυμα CGA σε συγκεντρώσεις 1 mM ή 10 mM και γ) υδατικό διάλυμα ρουτίνης σε συγκεντρώσεις 1 mM ή 10 mM. Συνολικά πραγματοποιήθηκαν 35 επεμβάσεις που παρουσιάζονται αναλυτικά στους πίνακες των αποτελεσμάτων. Μετά τη φύτευση τα μοσχεύματα τοποθετήθηκαν πάνω σε τσιμεντένιο παρτέρι (ριζωτήριο) που βρισκόταν σε θερμοκήπιο με σύστημα υδρονέφωσης. Η διάρκεια ψεκασμού εντός της μονάδα της υδρονέφωσης ήταν 20 sec κάθε 6 min την περίοδο του καλοκαιριού και 20 sec κάθε 12 min την περίοδο του φθινοπώρου. Οι παραπάνω μεταχειρίσεις επαναλήφθηκαν και για τις δύο περιόδους (καλοκαίρι και φθινόπωρο).

### 2.1.3 Μετρήσεις

Στο τέλος της περιόδου ριζοβολίας (περίπου τρεις μήνες μετά την ημέρα φυτέματος) (Οκτώβριος 2010) μετρήθηκε: α) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που ριζοβόλησαν, β) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σάπισαν και γ) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σχημάτισαν κάλλο. Αντίστοιχες μετρήσεις διεξήχθησαν τον Ιανουάριο (2011) για τα μοσχεύματα που είχαν εγκατασταθεί στη μονάδα της υδρονέφωσης τρεις μήνες νωρίτερα (Οκτώβριος 2010).

### **2.1.4 Πειραματικό σχέδιο και στατιστική ανάλυση**

Το πειραματικό σχέδιο που ακολουθήθηκε κατά το σχεδιασμό και την εκτέλεση του πειράματος ήταν το εντελώς τυχαιοποιημένο σχέδιο. Στο πείραμα έγιναν 35 επεμβάσεις με διάφορα σκευάσματα, όπου για κάθε επέμβαση πραγματοποιήθηκαν 4 επαναλήψεις με 50 μοσχεύματα ανά επανάληψη. Ο συνολικός αριθμός μοσχευμάτων που χρησιμοποιήθηκαν ήταν 28.000, δηλαδή 14.000 μοσχεύματα για κάθε περίοδο και για τις δύο μελετώμενες ποικιλίες (7.000 μοσχεύματα ανά ποικιλία) (35 επεμβάσεις x 4 επαναλήψεις x 50 μοσχεύματα ανά επανάληψη x 2 ποικιλίες x 2 εποχές).

Τα πειραματικά δεδομένα για τα ποσοστά ριζοβολίας αναλύθηκαν στατιστικά ως τρι-παραγοντικό πείραμα (Multi Factor ANOVA) με παράγοντες τις ορμονικές επεμβάσεις, την ποικιλία και την εποχή. Οι σημαντικές διαφορές βρέθηκαν χρησιμοποιώντας το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία του Tukey's HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$ . Τα αποτελέσματα περιγράφονται αναλυτικά σε πίνακες και σχεδιαγράμματα. Τέλος, η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων έγινε με το στατιστικό πακέτο JMP 7 για τα Windows.

## **2.2 Πείραμα Β**

### **2.2.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και φυτικό υλικό**

Το πείραμα Β διεξήχθη με βάση τα αποτελέσματα που πειράματος Α και είχε ως σκοπό την εύρεση της καλύτερης εξωγενώς εφαρμοζόμενης ουσίας και της συγκέντρωσης αυτής για την αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών'. Το πείραμα αυτό έλαβε χώρα τη χρονική περίοδο του καλοκαιριού (Ιούλιος-Οκτώβριος, 2011), καθώς επίσης και το φθινόπωρο (Οκτώβριος 2011-Ιανουάριος 2012) και χρησιμοποιήθηκαν μοσχεύματα μόνο της δύσκολης στη ριζοβολία ποικιλίας 'Καλαμών'. Η διαδικασία κοπής των μοσχευμάτων, η προετοιμασία και η φύτευση περιγράφονται αναλυτικά στο Πείραμα Α.

### **2.2.2 Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων**

Στη βάση των μοσχευμάτων πριν φυτευτούν εφαρμόστηκαν υπό μορφή διαλυμάτων οι πιο κάτω επεμβάσεις:

- α. Υδατικό διάλυμα CGA σε συγκεντρώσεις 0,01 mM, 0,05 mM, 0,1 mM ή 0,5 mM για 30 min.
- β. Υδατικό διάλυμα ρουτίνης σε συγκεντρώσεις 0,1 mM ή 0,5 mM για 30 min.
- γ. Υδατικό διάλυμα 1% σακχαρόζης για 18 h.
- δ. Υδατικό διάλυμα 0,1 mM CGA και 0,5 mM ρουτίνης για 30 min.
- ε. Υδατικό διάλυμα 0,1 mM CGA, 0,5 mM ρουτίνης και 1% σακχαρόζη για 30 min.
- στ. Υδατικό διάλυμα σπερμιδίνης (Spd) σε συγκεντρώσεις 0,1 mM, 0,5 mM, 1 mM ή 10 mM για 30 min.
- ζ. Υδατικό διάλυμα σπερμίνης (Spm) σε συγκεντρώσεις 0,1 mM, 0,5 mM, 1 mM ή 10 mM για 30 min.
- η. Υδατικό διάλυμα  $\text{NaN}_3$  σε συγκεντρώσεις 1 mM, 5 mM ή 10 mM για 30 min.
- θ. Υδατικό διάλυμα KCN σε συγκεντρώσεις 1 mM, 5 mM ή 10 mM για 30 min.

Όλα τα μοσχεύματα αφέθηκαν να στεγνώσουν για 5 min και στη συνέχεια η βάση τους εμβαπτίστηκε για 5 sec σε ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> διαλυμένο σε 45% v/v αιθανόλη/απεσταγμένο νερό. Μερικά μοσχεύματα εμβαπτίστηκαν μόνο σε ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> για 5 sec και χρησιμοποιήθηκαν ως μάρτυρας. Για τη φύτευση των μοσχευμάτων χρησιμοποιήθηκαν θήκες με οργανικό υπόστρωμα με βάση την τύρφη όπως και στο πείραμα Α, οι οποίες τοποθετήθηκαν εντός της μονάδας της υδρονέφωσης. Η διάρκεια ψεκασμού εντός της μονάδας υδρονέφωσης ήταν 20 sec κάθε 6 min την περίοδο του καλοκαιριού και 20 sec κάθε 12 min την περίοδο του φθινοπώρου. Οι παραπάνω μεταχειρίσεις επαναλήφθηκαν και για τις δύο περιόδους (καλοκαίρι και φθινόπωρο).

### 2.2.3 Μετρήσεις

Στο τέλος της περιόδου ριζοβολίας (περίπου τρεις μήνες μετά την ημέρα φυτέματος) (Οκτώβριος 2011) μετρήθηκε: α) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που ριζοβόλησαν, β) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σάπισαν και γ) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σχημάτισαν κάλλο. Αντίστοιχες μετρήσεις διεξήχθησαν τον Ιανουάριο (2012) για τα μοσχεύματα που είχαν εγκατασταθεί στη μονάδα της υδρονέφωσης τρεις μήνες νωρίτερα (Οκτώβριος 2011).

#### **2.2.4 Πειραματικό σχέδιο και στατιστική ανάλυση**

Το πειραματικό σχέδιο που ακολουθήθηκε ήταν το εντελώς τυχαίοποιημένο σχέδιο. Στο πείραμα έγιναν 25 επεμβάσεις με διάφορα σκευάσματα, όπου για κάθε επέμβαση πραγματοποιήθηκαν 4 επαναλήψεις με 50 μοσχεύματα ανά επανάληψη. Συνολικά χρησιμοποιήθηκαν 10.000 μοσχεύματα, δηλαδή 5.000 μοσχεύματα για κάθε περίοδο (25 επεμβάσεις x 4 επαναλήψεις x 50 μοσχεύματα ανά επανάληψη x 2 εποχές).

Τα πειραματικά δεδομένα για τα ποσοστά ριζοβολίας αναλύθηκαν στατιστικά ως παραγοντικό πείραμα (One-Way ANOVA) με παράγοντες τις επεμβάσεις με τα διάφορα σκευάσματα. Οι σημαντικές διαφορές βρέθηκαν χρησιμοποιώντας το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης της διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία του Tukey's HSD, σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$ . Τα αποτελέσματα περιγράφονται αναλυτικά σε πίνακες και σχεδιαγράμματα. Τέλος, η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων έγινε με το στατιστικό πακέτο JMP 7 για τα Windows.

### **2.3 Πείραμα Γ**

#### **2.3.1 Διεξαγωγή πειραμάτων και φυτικό υλικό**

Τα πειράματα ριζοβολίας διεξήχθησαν το φθινόπωρο (Οκτώβριος 2011-Ιανουάριος 2012) και χρησιμοποιήθηκαν μοσχεύματα της δύσκολης ποικιλίας 'Καλαμών'. Η διαδικασία κοπής των μοσχευμάτων, η προετοιμασία και η φύτευση περιγράφονται αναλυτικά στο Πείραμα Α. Η βάση των μοσχευμάτων πριν φυτευτούν εμβαπτίστηκε για 30 min σε υδατικό διάλυμα 0,1 mM CGA, αφέθηκαν να στεγνώσουν για 5 min και στη συνέχεια εμβαπτίστηκαν σε ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> διαλυμένο σε 45% v/v αιθανόλη/απεσταγμένο νερό. Τα μοσχεύματα που χρησιμοποιήθηκαν ως μάρτυρας εμβαπτίστηκαν για 5 sec σε ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> διαλυμένο σε 45% v/v αιθανόλη/απεσταγμένο νερό. Για τη φύτευση των μοσχευμάτων χρησιμοποιήθηκαν θήκες με οργανικό υπόστρωμα με βάση την τύρφη όπως και στο πείραμα Α, οι οποίες τοποθετήθηκαν στο ριζωτήριο εντός της μονάδας της υδρονέφωσης. Η διάρκεια ψεκασμού εντός της μονάδας υδρονέφωσης ήταν 20 sec κάθε 12 min.

### **2.3.2 Πειραματικό σχέδιο**

Το πειραματικό σχέδιο που ακολουθήθηκε κατά το σχεδιασμό και την εκτέλεση του πειράματος ήταν το πλήρως τυχαιοποιημένο σχέδιο. Στο πείραμα έγιναν 2 επεμβάσεις, όπου για κάθε επέμβαση πραγματοποιήθηκαν 4 επαναλήψεις, με 4 θήκες των 240 θέσεων, δηλαδή 960 μοσχεύματα ανά επανάληψη (3.840 ανά επέμβαση και συνολικά χρησιμοποιήθηκαν 7.680 μοσχεύματα).

### **2.3.3 Βιοχημικές αναλύσεις και μετρήσεις**

#### **2.3.3.1 Μετρήσεις ποσοστών ριζοβολίας**

Στο τέλος της περιόδου ριζοβολίας (περίπου τρεις μήνες μετά την ημέρα φυτέματος) (Ιανουάριος 2012) μετρήθηκε: α) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που ριζοβόλησαν, β) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σάπισαν και γ) ποσοστό (%) των μοσχευμάτων που σχημάτισαν κάλλο.

#### **2.3.3.2 Δειγματοληψία μοσχευμάτων για τη μέτρηση βιοχημικών παραγόντων**

Οι δειγματοληψίες διενεργήθηκαν σε μοσχεύματα που είχαν δεχτεί και τις δύο επεμβάσεις (0,1 mM CGA και IBA 2000 mg L<sup>-1</sup>). Σε κάθε δειγματοληψία και για κάθε επέμβαση λαμβάνονταν 100 μοσχεύματα ανά επανάληψη (400 μοσχεύματα ανά επέμβαση). Από τα μοσχεύματα που εγκαταστάθηκαν στη μονάδα της υδρονέφωσης έγινε δειγματοληψία στις μηδέν, μία, τρεις, πέντε, επτά και δεκαπέντε ΗΜΦ με σκοπό να μελετηθούν πιθανές αλλαγές στις βιοχημικές διεργασίες των μοσχευμάτων κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας. Κατά τη δειγματοληψία λαμβάνονταν μόνο 2 cm του βλαστού από τη βάση των μοσχευμάτων και στη συνέχεια για την επεξεργασία των δειγμάτων ακολουθήθηκε η διαδικασία που περιγράφεται στο Κεφάλαιο 1.

#### **2.3.3.3 Βιοχημικές αναλύσεις που πραγματοποιήθηκαν**

Στα δείγματα των μοσχευμάτων που συλλέχθηκαν πραγματοποιήθηκαν οι πιο κάτω βιοχημικές αναλύσεις οι οποίες συνοπτικά ήταν οι εξής:

- Εκχύλιση αρχικά με νερό και ανάλυση στη συνέχεια των διαλυτών σακχάρων με τη μέθοδο της HPLC.
- Προσδιορισμός της συγκέντρωσης του αμύλου με ενζυματική μέθοδο και χρήση φασματοφωτόμετρου.
- Εκχύλιση και ανάλυση με τη μέθοδο της HPLC των πολυαμινών.

- Εκχύλιση και μέτρηση στο φασματοφωτόμετρο των ολικών φαινολικών ενώσεων, των ολικών φλαβανολών, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών ορθο-διφαινολών.
- Εκχύλιση και ανάλυση των μεμονωμένων φαινολικών ενώσεων στην HPLC.
- Μέτρηση της ενεργότητας των ενζύμων POD, PPO και τη IAA oxidase.

Η αναλυτική περιγραφή των πιο πάνω μεθόδων παρουσιάζεται στα αντίστοιχα προηγούμενα κεφάλαια (1, 2, 3 και 4 — Μέρος Δεύτερο).

#### **2.3.4 Στατιστική ανάλυση**

Η στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων έγινε με το στατιστικό πακέτο JMP 7 για τα Windows. Η ανάλυση που ακολουθήθηκε ήταν ανάλυση διασποράς (Multi Factor ANOVA) με παράγοντες τις ΗΜΦ (0, 1, 3, 5, 7 και 15 ημέρες) και τις επεμβάσεις (0,1 mM CGA και IBA 2000 mg L<sup>-1</sup>). Οι σημαντικές διαφορές βρέθηκαν χρησιμοποιώντας το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία του Tukey's HSD, σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$ . Τα αποτελέσματα παρουσιάζονται και περιγράφονται αναλυτικά σε πίνακες και σχεδιαγράμματα.

### 3. Αποτελέσματα

#### 3.1 Πείραμα Α

Ο πίνακας 51 δείχνει ότι οι εξωγενώς εφαρμοσθείσες ουσίες επηρέασαν στατιστικά σημαντικά τα ποσοστά ριζοβολίας τόσο της ποικιλίας ‘Arbequina’ όσο και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ και τις δύο εποχές.

**Πίνακας 51.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας, σχηματισμού κάλλου και σαπίσματος των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2010-2011).

	Καλοκαίρι			Φθινόπωρο		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
<b>Arbequina</b>	***	***	***	***	ns	***
<b>Καλαμών</b>	***	***	***	***	***	***

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

Τα αποτελέσματα του πειράματος (Πίνακας 52) δείχνουν ότι οι εξωγενείς εφαρμογές επηρέασαν άλλοτε λιγότερο και άλλοτε περισσότερο τη ριζοβολία των μοσχευμάτων των δύο ποικιλιών. Τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας επιτεύχθηκαν στην ποικιλία ‘Arbequina’ που έφθασαν μέχρι το ποσοστό 100% την περίοδο του φθινοπώρου, ενώ η ποικιλία ‘Καλαμών’ ριζοβόλησε σε μικρά ποσοστά τα οποία όμως έφτασαν στο 25% για την περίοδο του φθινοπώρου.

Την περίοδο του καλοκαιριού τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ έδωσαν το υψηλότερο ποσοστό ριζοβολίας (89%) με την εφαρμογή 5% σακχαρόζη, ακολούθησε η εφαρμογή 0,1 mM CGA για 30 min με 88% και τέλος η εφαρμογή 0,1 mM ρουτίνη για 30 min με 87% (Πίνακας 52). Αντίθετα, η εφαρμογή 10 mM ρουτίνης για 18 h έδωσε το χαμηλότερο ποσοστό ριζοβολίας (0%). Για την ίδια περίοδο, το υψηλότερο ποσοστό κάλλου παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα του μάρτυρα (50%), ενώ η εφαρμογή 1 mM ρουτίνης για 18 h συνετέλεσε στα υψηλότερα ποσοστά σήψεων (95%), ακολουθούμενη από την εφαρμογή 0,5 mM και 10 mM ρουτίνης για 18 h και 10 mM CGA για 18 h με 90%.

Στην ποικιλία ‘Arbequina’ και τις δύο περιόδους τα ποσοστά ριζοβολίας ήταν πολύ υψηλά και γενικά κυμάνθηκαν από 85-100% για τις περισσότερες επεμβάσεις που δε διέφεραν σημαντικά μεταξύ τους. Εξαίρεση αποτελούν οι επεμβάσεις των 10 mM CGA για 18 h και 0,5 mM, 1 mM και 10 mM ρουτίνη για 18 h που ήταν πολύ

χαμηλές (0-2%). Η εφαρμογή 10 mM Put για 30 min, καθώς και του 10 mM CGA ή της 10 mM ρουτίνης στο υπόστρωμα ριζοβολίας έδωσαν το μέγιστο ποσοστό ριζοβολίας (100%) (Πίνακας 52). Επίσης, για όλες τις επεμβάσεις τα ποσοστά σήψεων ήταν πολύ μικρά έως μηδενικά, με εξαίρεση τις επεμβάσεις που έδωσαν χαμηλά ποσοστά ριζοβολίας. Τέλος, τα ποσοστά κάλλου ήταν αρκετά χαμηλά και δεν παρατηρήθηκαν στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ των διαφόρων επεμβάσεων.

Όσον αφορά την ποικιλία 'Καλαμών' παρατηρούμε ότι για την περίοδο του καλοκαιριού τα ποσοστά ριζοβολίας ήταν πάρα πολύ χαμηλά 0-4% (Πίνακας 53). Αντιθέτως, τα ποσοστά σήψεων ήταν αυξημένα και σε ορισμένες περιπτώσεις του μάρτυρα τα ποσοστά αυτά φτάνουν το 100%. Τα ποσοστά κάλλου ήταν και αυτά μειωμένα με τις 0,1 mM και 0,5 mM ρουτίνη για 18 h να έχουν τα υψηλότερα ποσοστά (26% και 25% αντίστοιχα).

Αντιθέτως με τα αποτελέσματα του καλοκαιριού, το φθινόπωρο παρατηρήθηκε εντυπωσιακή αύξηση των ποσοστών ριζοβολίας για τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών'. Η εφαρμογή 0,1 mM CGA για 30 min προώθησε σημαντικά τη ριζοβολία η οποία έφτασε σε ποσοστό 25% (Πίνακας 53), δηλαδή επιτεύχθηκε 400% αύξηση της ριζοβολίας σε σχέση με την εφαρμογή του IBA 2000 mg L<sup>-1</sup>. Υψηλά ποσοστά ριζοβολίας έδωσαν επίσης οι μεταχειρίσεις με 1 mM CGA για 30 min καθώς και η εφαρμογή ρουτίνης (1 mM ή 10 mM) στο υπόστρωμα (24%). Επίσης, η εφαρμογή 0,1 mM ρουτίνης για 30 min και 0,5 mM CGA για 30 min αύξησαν το ποσοστό ριζοβολίας σε 23% και 22%, αντίστοιχα. Τέλος, τα υψηλότερα ποσοστά κάλλου παρατηρήθηκαν στα μοσχεύματα του μάρτυρα (54%).



**Πίνακας 52.** Επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας, σαπίσματος και σχηματισμού κάλλου στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2010-2011).

Επεμβάσεις	Arbequina					
	Καλοκαίρι			Φθινόπωρο		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
Μάρτυρας 30 min	29 bcd	44 ab	27 l	3 b	7 a	90 a
Μάρτυρας 18 h	25 bcd	50 a	25 l	0 b	2 a	98 a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup> 30 min	22 bcd	28 bc	50 j	1 b	5 a	94 a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup> 18 h	25 bcd	28 bc	47 k	2 b	2 a	96 a
CGA 0,1 mM 30 min	4 e	8 cde	<b>88 ab</b>	2 b	1 a	97 a
CGA 0,5 mM 30 min	6 de	9 cd	85 cde	0 b	5 a	65 a
CGA 1 mM 30 min	6 de	10 cd	84 de	1 b	5 a	94 a
CGA 10 mM 30 min	15 cde	5 de	80 gh	4 b	2 a	94 a
CGA 0,1 mM 18 h	5 e	9 cde	86 bcd	0 b	2 a	98 a
CGA 0,5 mM 18 h	10 cde	5 de	85 cde	0 b	2 a	98 a
CGA 1 mM 18 h	14 cde	6 de	80 gh	6 b	9 a	85 a
CGA 10 mM 18 h	90 ab	5 de	5 m	100 a	0 a	0 b
CGA 1 mM υπόστρωμα	11 cde	9 cde	80 gh	4 b	5 a	91 a
CGA 10 mM υπόστρωμα	10 cde	5 de	85 cde	0 b	0 a	<b>100 a</b>
Ρουτίνη 0,1 mM 30 min	8 cde	5 de	<b>87 abc</b>	0 b	1 a	99 a
Ρουτίνη 0,5 mM 30 min	5 e	15 cd	80 gh	3 b	6 a	91 a
Ρουτίνη 1 mM 30 min	9 cde	8 cde	83 ef	1 b	3 a	96 a
Ρουτίνη 10 mM 30 min	21 bcd	3 de	76 i	3 b	5 a	92 a
Ρουτίνη 0,1 mM 18 h	50 abc	5 de	45 k	4 b	8 a	88 a
Ρουτίνη 0,5 mM 18 h	90 ab	5 de	5 m	99 a	0 a	1 b
Ρουτίνη 1 mM 18 h	95 a	0 e	5 m	98 a	0 a	2 b
Ρουτίνη 10 mM 18 h	90 ab	10 cde	0 n	100 a	0 a	0 b
Ρουτίνη 1 mM υπόστρωμα	15 cde	5 de	80 gh	0 b	3 a	97 a
Ρουτίνη 10 mM υπόστρωμα	19 bcde	0 e	81 fg	0 b	0 a	<b>100 a</b>
Put 0,1 mM 30 min	4 e	10 cde	86 bcd	1 b	1 a	98 a
Put 0,5 mM 30 min	6 de	8 cd	86 bcd	0 b	2 a	98 a
Put 1 mM 30 min	12 cde	8 cd	80 gh	2 b	3 a	95 a
Put 10 mM 30 min	10 cde	9 cd	81 fg	0 b	0 a	<b>100 a</b>
Put 10 mM 30 min υπόστρωμα	20 bcde	2 de	78 hi	3 b	4 a	93 a
Σακχαρόζη 0,3%	12 cde	5 de	83 ef	2 b	5 a	93 a
Σακχαρόζη 1%	10 cde	7 cde	83 ef	1 b	5 a	94 a
Σακχαρόζη 5%	11 cde	0 e	<b>89 a</b>	0 b	1 a	99 a
Σακχαρόζη 10%	20 bcde	1 de	79 gh	0 b	8 a	92 a
Γλυκόζη 5%	5 e	10 cde	85 cde	0 b	1 a	99 a
Μαννιτόλη 5%	4 e	12 cd	84 de	0 b	1 a	99 a

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

**Πίνακας 53.** Επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας, σαπίσματος και σχηματισμού κάλλου στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2010-2011).

Επεμβάσεις	Καλαμών					
	Καλοκαίρι			Φθινόπωρο		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
Μάρτυρας 30 min	100 a	0 e	0 a	60 cdefg	40 ab	0 e
Μάρτυρας 18 h	99 a	1 de	0 a	46 defg	54 a	0 e
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup> 30 min	80 bcd	17 abcd	3 a	64 bcdefg	32 abcde	4 de
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup> 18 h	89 abc	10 bcde	1 a	61 cdefg	39 ab	0 e
CGA 0,1 mM 30 min	78 cd	18 abcd	<b>4 a</b>	39 efg	36 ab	<b>25 a</b>
CGA 0,5 mM 30 min	79 bcd	19 abcd	2 a	44 efg	34 abcd	<b>22 abc</b>
CGA 1 mM 30 min	75 cd	22 abc	3 a	41 efg	41 ab	18 abcd
CGA 10 mM 30 min	75 cd	24 ab	1 a	65 bcdef	30 abcde	5 de
CGA 0,1 mM 18 h	89 abc	9 bcde	2 a	62 cdefg	24 bcde	14 abcde
CGA 0,5 mM 18 h	90 ab	9 bcde	1 a	48 defg	36 ab	16 abcd
CGA 1 mM 18 h	95 a	4 de	1 a	76 abcd	24 bcde	0 e
CGA 10 mM 18 h	100 a	0 e	0 a	100 a	0 e	0 e
CGA 1 mM υπόστρωμα	89 abc	9 bcde	2 a	45 defg	31 abcde	<b>24 ab</b>
CGA 10 mM υπόστρωμα	90 ab	7 cde	3 a	41 efg	42 ab	17 abcde
Ρουτίνη 0,1 mM 30 min	88 abc	9 bcde	3 a	35 efg	42 ab	<b>23 abc</b>
Ρουτίνη 0,5 mM 30 min	84 abcd	16 abcd	0 a	62 cdefg	20 cde	18 abcd
Ρουτίνη 1 mM 30 min	83 abcd	15 abcde	2 a	63 cdefg	26 bcde	11 abcd
Ρουτίνη 10 mM 30 min	92 ab	6 cde	2 a	70 abcde	26 bcde	4 de
Ρουτίνη 0,1 mM 18 h	79 bcd	18 abcd	3 a	97 ab	3 de	0 e
Ρουτίνη 0,5 mM 18 h	71 d	26 a	3 a	100 a	0 e	0 e
Ρουτίνη 1 mM 18 h	72 d	25 a	3 a	100 a	0 e	0 e
Ρουτίνη 10 mM 18 h	79 bcd	20 abcd	1 a	92 abc	2 de	6 cde
Ρουτίνη 1 mM υπόστρωμα	85 abcd	14 abcde	1 a	30 g	46 a	<b>24 ab</b>
Ρουτίνη 10 mM υπόστρωμα	90 ab	10 bcde	0 a	31 fg	45 a	<b>24 ab</b>
Put 0,1 mM 30 min	82 abcd	14 abcde	<b>4 a</b>	55 cdefg	35 abc	10 bcde
Put 0,5 mM 30 min	80 bcd	17 abcd	3 a	69 abcde	24 bcde	7 cde
Put 1 mM 30 min	86 abc	12 abcde	2 a	59 cdefg	33 abcd	8 bcde
Put 10 mM 30 min	85 abc	13 abcde	2 a	55 cdefg	35 abc	10 bcde
Put 10 mM 30 min υπόστρωμα	93 ab	6 cde	1 a	64 bcdefg	31 abcde	5 de
Σακχαρόζη 0,3%	95 a	5 de	0 a	74 abcde	15 cde	11 abcde
Σακχαρόζη 1%	89 abc	7 cde	<b>4 a</b>	51 defg	35 abc	14 abcd
Σακχαρόζη 5%	90 ab	7 cde	3 a	43 efg	46 a	11 abcde
Σακχαρόζη 10%	92 ab	6 cde	2 a	56 cdefg	44 a	0 e
Γλυκόζη 5%	96 a	4 de	0 a	46 efg	46 a	8 bcde
Μαννιτόλη 5%	90 ab	9 bcde	1 a	50 defg	34 abcd	16 abcd

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.2 Πείραμα Β

Στον πίνακα 54 βλέπουμε ότι οι εξωγενείς εφαρμογές επηρέασαν στατιστικά σημαντικά το ποσοστό ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ μόνο το φθινόπωρο. Αντίθετα τα ποσοστά σαπίσματος και σχηματισμού κάλλου επηρεάστηκαν σημαντικά και τις δύο εποχές (Πίνακας 54).

**Πίνακας 54.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2011-2012).

	Καλοκαίρι			Φθινόπωρο		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
<b>Επεμβάσεις</b>	***	***	ns	***	*	***

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

Σύμφωνα με τον πίνακα 55, η εποχή είχε σημαντική επίδραση στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’, με τα υψηλότερα ποσοστά να παρατηρούνται την περίοδο του φθινοπώρου. Την περίοδο του καλοκαιριού τα ποσοστά σήψεων ήταν ιδιαίτερα αυξημένα ενώ τα ποσοστά ριζοβολίας πολύ χαμηλά 0-5%. Τα υψηλότερα ποσοστά σήψεων βρέθηκαν στο μάρτυρα (95%), ακολούθησε η συνδυασμένη εφαρμογή (0,1 mM CGA και 0,5 mM ρουτίνης) με 91%, η εφαρμογή 1% σακχαρόζη (90%) και IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> (88%). Το υψηλότερο ποσοστό κάλλου (97%) παρατηρήθηκε στην εφαρμογή 0,5 mM Sprm και ακολούθησαν οι εφαρμογές 0,1 mM και 1 mM Sprm με ποσοστά 90% και 87%, αντίστοιχα.

Την περίοδο του φθινοπώρου, οι εξωγενείς εφαρμογές των διαφόρων σκευασμάτων προώθησαν σημαντικά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (Πίνακας 55). Η εφαρμογή 0,1 mM CGA για 30 min έδωσε το υψηλότερο ποσοστό (25%), ακολούθησε η εφαρμογή 0,05 mM CGA για 30 min με 24% και τέλος το 0,5 mM CGA για 30 min με 22%. Αντιθέτως, η εφαρμογή 0,01 mM CGA για 30 min έδωσε χαμηλό ποσοστό ριζοβολίας (7%). Σχετικά καλά αποτελέσματα έδωσαν οι εφαρμογές 10 mM NaN<sub>3</sub> και 1 mM KCN με ποσοστά ριζοβολίας 15% και 17%, όπως και η ρουτίνη σε συγκέντρωση 0,1 mM και 0,5 mM με 13% και 10%, αντίστοιχα. Από τις πολυαμίνες μόνο η Sprd σε συγκέντρωση 10 mM προώθησε τη ριζοβολία σε ποσοστό 7%, ενώ η Sprd και η Sprm δεν προώθησαν τη ριζοβολία. Επίσης, η εφαρμογή της 0,1 mM Sprm είχε ως αποτέλεσμα τη σήψη όλων των

μοσχευμάτων. Τέλος, το υψηλότερο ποσοστό κάλλου (57%) παρατηρήθηκε για την εφαρμογή του  $\text{NaN}_3$  σε συγκέντρωση 10 mM.

**Πίνακας 55.** Επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας σαπίσματος και σχηματισμού κάλλου στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2011-2012).

Επεμβάσεις	Καλαμών					
	Καλοκαίρι			Φθινόπωρο		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
Μάρτυρας 30 min	95 a	5 e	0 a	60 abc	40 abcd	0 c
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup> 30 min	88 a	9 e	3 a	78 abc	17 cde	5 bc
CGA 0,1 mM 30 min	71 abcd	26 de	3 a	46 abc	29 abcd	<b>25 a</b>
CGA 0,5 mM 30 min	77 ab	21 e	2 a	32 abc	46 abc	<b>22 ab</b>
CGA 0,05 mM 30 min	79 ab	20 e	1 a	51 abc	25 abcde	<b>24 a</b>
CGA 0,01 mM 30 min	75 abc	23 e	2 a	53 abc	40 abcd	7 bc
Ρουτίνη 0,1 mM 30 min	85 ab	14 e	1 a	67 abc	20 abcde	13 abc
Ρουτίνη 0,5 mM 30 min	86 ab	12 e	2 a	80 ab	10 de	10 bc
Spd 0,1 mM 30 min	23 efg	78 abc	0 a	72 abc	28 abcd	0 c
Spd 0,5 mM 30 min	35 cdefg	65 abcd	0 a	71 abc	27 abcde	2 bc
Spd 1 mM 30 min	57 abcde	40 cde	3 a	65 abc	35 abcd	0 c
Spd 10 mM 30 min	32 defg	65 abcd	3 a	65 abc	28 abcd	7 bc
Spm 0,1 mM 30 min	7 g	90 a	3 a	100 a	0 e	0 c
Spm 0,5 mM 30 min	3 g	97 a	0 a	85 ab	15 cde	0 c
Spm 1 mM 30 min	13 fg	87 a	0 a	47 abc	50 ab	3 bc
Spm 10 mM 30 min	14 fg	83 ab	3 a	86 ab	10 de	4 bc
Σακχαρόζη 1%	90 a	7 e	3 a	58 abc	37 abcd	5 bc
$\text{NaN}_3$ 1 mM 30 min	67 abcd	30 de	3 a	43 abc	49 ab	8 bc
$\text{NaN}_3$ 5 mM 30 min	67 abcd	30 de	3 a	70 abc	28 abcd	2 bc
$\text{NaN}_3$ 10 mM 30 min	75 abc	23 e	2 a	28 bc	57 a	15 abc
KCN 1 mM 30 min	79 ab	17 e	<b>4 a</b>	60 abc	27 abcde	13 abc
KCN 5 mM 30 min	69 abcd	27 de	<b>4 a</b>	66 abc	27 abcde	7 bc
KCN 10 mM 30 min	49 bcdef	46 bcde	<b>5 a</b>	52 abc	40 abcd	8 bc
CGA 0,1 mM + Ρουτίνη 0,5 mM 30 min	91 a	9 e	0 a	63 abc	36 abcd	1 bc
CGA 0,1 mM + Ρουτίνη 0,5 mM + Σακχαρόζη 1% 30 min	87 ab	12 e	1 a	86 ab	12 cde	2 bc

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.3 Πείραμα Γ

#### 3.3.1 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη ριζοβολία

Η εξωγενής εφαρμογή χλωρογενικού οξέος προώθησε σημαντικά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών'. Αναλυτικά, παρατηρούμε ότι τα ποσοστά σήψεων ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερα για τα μοσχεύματα του μάρτυρα σε ποσοστό 78% (Πίνακας 56). Αντιθέτως, τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με 0,1 mM CGA είχαν τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας (25%). Τέλος, η εφαρμογή 0,1 mM CGA έδωσε το υψηλότερο ποσοστό κάλλου (29%) έναντι του 17% του μάρτυρα.

**Πίνακας 56.** Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στα ποσοστά ριζοβολίας, σαπίσματος και σχηματισμού κάλλου στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012).

	Καλαμών		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
<b>Επεμβάσεις</b>	***	***	***
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	78a	17b	5b
CGA 0,1 mM	46b	29a	25a

Επεξηγήσεις: \*, p<0,05 – \*\*, p<0,01 – \*\*\*, p<0,001 – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση.

#### 3.3.2 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη συγκέντρωση των υδατανθράκων

Σύμφωνα με τον πίνακα 57 οι επεμβάσεις, οι ΗΜΦ καθώς και οι αλληλεπιδράσεις αυτών επηρέασαν σημαντικά τις συγκεντρώσεις των υδατανθράκων, με εξαίρεση τη συγκέντρωση της μαννιτόλης για τις επεμβάσεις και την αλληλεπίδραση επεμβάσεων-ημερών.

Στον πίνακα 58 παρατηρούμε ότι μεταξύ των μελετώμενων σακχάρων και για τις δύο επεμβάσεις κυρίαρχη εμφανίζεται να είναι η μαννιτόλη, ακολουθούμενη από τη σακχαρόζη και τη γλυκόζη. Επίσης, τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' που μεταχειρίστηκαν με 0,1 mM CGA είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση σταχυόζης, ραφινόζης, σακχαρόζης, γλυκόζης, ολικών σακχάρων και αμύλου σε σχέση με αυτά του μάρτυρα. Αντιθέτως, η συγκέντρωση της φρουκτόζης ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη στα μοσχεύματα του μάρτυρα, ενώ η συγκέντρωση της μαννιτόλης δεν παρουσίασε στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ των δύο επεμβάσεων.

**Πίνακας 57.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' (2011-2012).

Συγκέντρωση Υδατανθράκων ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)									
	Σταχυρόζη	Ραφινόζη	Σακχαρόζη	Γλυκόζη	Φρουκτόζη	Μαννιτόλη	Ολικά Σάκχαρα	Άμυλο	
<b>Επεμβάσεις</b>	***	***	*	***	***	ns	**	***	
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***	***	***	***	***	
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	***	***	**	***	***	ns	***	***	

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

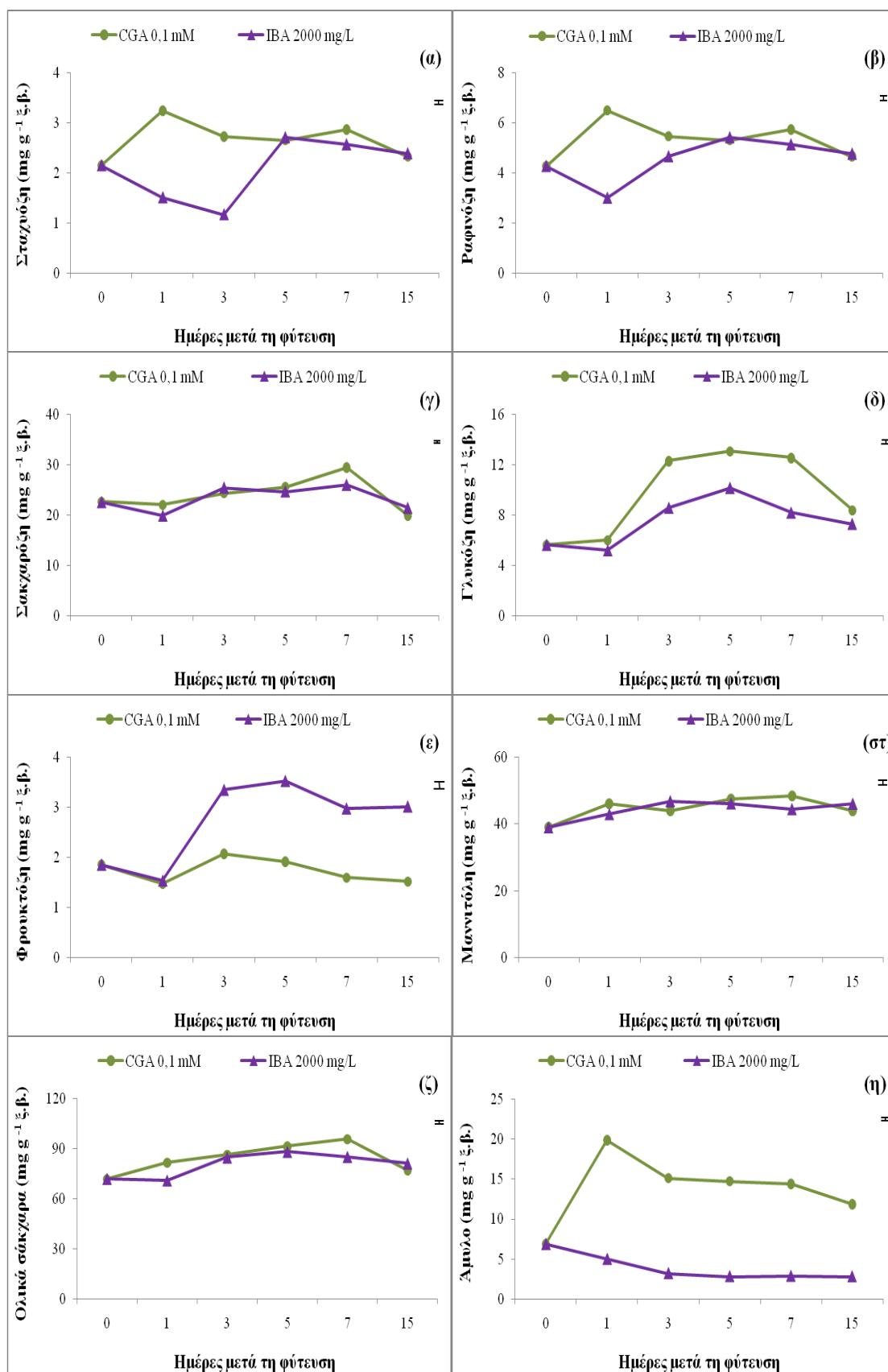
**Πίνακας 58.** Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' (2011-2012).

Συγκέντρωση Υδατανθράκων ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)									
	Σταχυρόζη	Ραφινόζη	Σακχαρόζη	Γλυκόζη	Φρουκτόζη	Μαννιτόλη	Ολικά Σάκχαρα	Άμυλο	
<b>Παράμετρος</b>									
<b>Επεμβάσεις</b>									
IBA 2000 $\text{mg L}^{-1}$	2,08b	4,55b	23,25b	7,52b	2,71a	44,26a	80,46b	3,93b	
CGA 0,1 mM	2,67a	5,39a	24,00a	9,67a	1,74b	44,78a	84,10a	13,80a	
<b>Ημέρες</b>									
0	2,15bc	4,28c	22,65cd	5,64d	1,86bc	38,99b	72,01c	6,87c	
1	2,38b	4,76bc	20,99de	5,61d	1,51c	44,46a	76,41bc	12,42a	
3	1,95c	5,07ab	24,44bc	10,46b	2,71a	45,42a	85,66a	9,16b	
5	2,69a	5,37a	25,19b	11,63a	2,72a	46,79a	89,86a	8,77b	
7	2,72a	5,44a	27,80a	10,38b	2,29ab	46,47a	90,52a	8,63b	
15	2,36b	4,72bc	20,69e	7,85c	2,27ab	44,99a	79,23b	7,34c	

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Όσον αφορά την επίδραση των ημερών παρατηρούμε ότι οι συγκεντρώσεις όλων των διαλυτών σακχάρων και του αμύλου παρουσίασαν μεταβολές στην πορεία των 15 ημερών της ριζοβολίας (Πίνακας 58). Η συγκέντρωση της σταχυόζης και της ραφινόζης ήταν μέγιστη 5 και 7 ΗΜΦ, της σακχαρόζης 7 ΗΜΦ και της γλυκόζης 5 ΗΜΦ. Η συγκέντρωση της φρουκτόζης ήταν σημαντικά υψηλότερη 3 και 5 ΗΜΦ, των ολικών σακχάρων 3, 5 και 7 ΗΜΦ, ενώ η συγκέντρωση του αμύλου ήταν μέγιστη 1 ΗΜΦ. Αντίθετα, η συγκέντρωση της μαννιτόλης δε μεταβλήθηκε σημαντικά με εξαίρεση στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) που ήταν σημαντικά μειωμένη.

Η αλληλεπίδραση μεταξύ επεμβάσεων και ΗΜΦ ήταν στατιστικά σημαντική για όλους τους υδατάνθρακες με εξαίρεση τη μαννιτόλη (Πίνακας 57 και Σχεδ. 24α-στ). Τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με CGA 0,1 mM παρουσίασαν υψηλότερη συγκέντρωση όλων των υδατανθράκων σε ολόκληρη την πορεία της ριζοβολίας, με εξαίρεση τη φρουκτόζη. Η συγκέντρωση της σταχυόζης, της ραφινόζης και του αμύλου αυξήθηκε σημαντικά στα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με CGA 1 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε (Σχεδ. 24α, 24β και 24η). Αντίθετα, στα μοσχεύματα του μάρτυρα, η συγκέντρωση της σταχυόζης και της ραφινόζης μειώθηκε αρχικά και στη συνέχεια αυξήθηκε σημαντικά 5 ΗΜΦ, ενώ το άμυλο ήταν αυξημένο αρχικά και μειώθηκε σταθερά στην πορεία της ριζοβολίας. Οι συγκεντρώσεις της σακχαρόζης και των ολικών σακχάρων αυξήθηκαν σημαντικά στην πορεία της ριζοβολίας μέχρι και τις 7 ΗΜΦ, μετά την εφαρμογή του CGA και στη συνέχεια μειώθηκαν (Σχεδ. 24γ και 24ζ). Η συγκέντρωση των ολικών σακχάρων για το μάρτυρα ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε. Η συγκέντρωση της γλυκόζης αυξήθηκε σημαντικά τόσο για τα μοσχεύματα που δέχτηκαν την εφαρμογή του CGA όσο και για το μάρτυρα 5 ΗΜΦ (Σχεδ. 24δ). Τέλος, η φρουκτόζη αυξήθηκε σημαντικά στα μοσχεύματα του μάρτυρα 3 και 5 ΗΜΦ, στα μοσχεύματα του CGA 3 ΗΜΦ και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά και στις δύο επεμβάσεις (Σχεδ. 24ε).



**Σχεδιάγραμμα 24.** Μεταβολές της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).



### 3.3.3 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στην ενεργότητα των ενζύμων

Στον πίνακα 59 παρατηρούμε ότι οι επεμβάσεις, οι ΗΜΦ καθώς και οι αλληλεπιδράσεις αυτών επηρέασαν σημαντικά την ενεργότητα όλων των μετρούμενων ενζύμων.

**Πίνακας 59.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' (2011-2012).

	Ενεργότητα Ενζύμων (Units mg <sup>-1</sup> πρωτεΐνης)		
	PPO	POD	IAA oxidase
<b>Επεμβάσεις</b>	***	***	***
<b>Ημέρες</b>	***	***	***
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	**	***	***

Επεξηγήσεις: \*, p<0,05 – \*\*, p<0,01 – \*\*\*, p<0,001 – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

Ο πίνακας 60 δείχνει ότι η ενεργότητα της PPO, της POD και της IAA oxidase ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη στα μοσχεύματα του μάρτυρα. Η επέμβαση με 0,1 mM CGA μείωσε σημαντικά την ενεργότητα των ενζύμων στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών'. Η ενεργότητα της PPO και της IAA oxidase ήταν στατιστικά σημαντικά αυξημένη 5 ΗΜΦ, ενώ της POD 15 ΗΜΦ (Πίνακας 60).

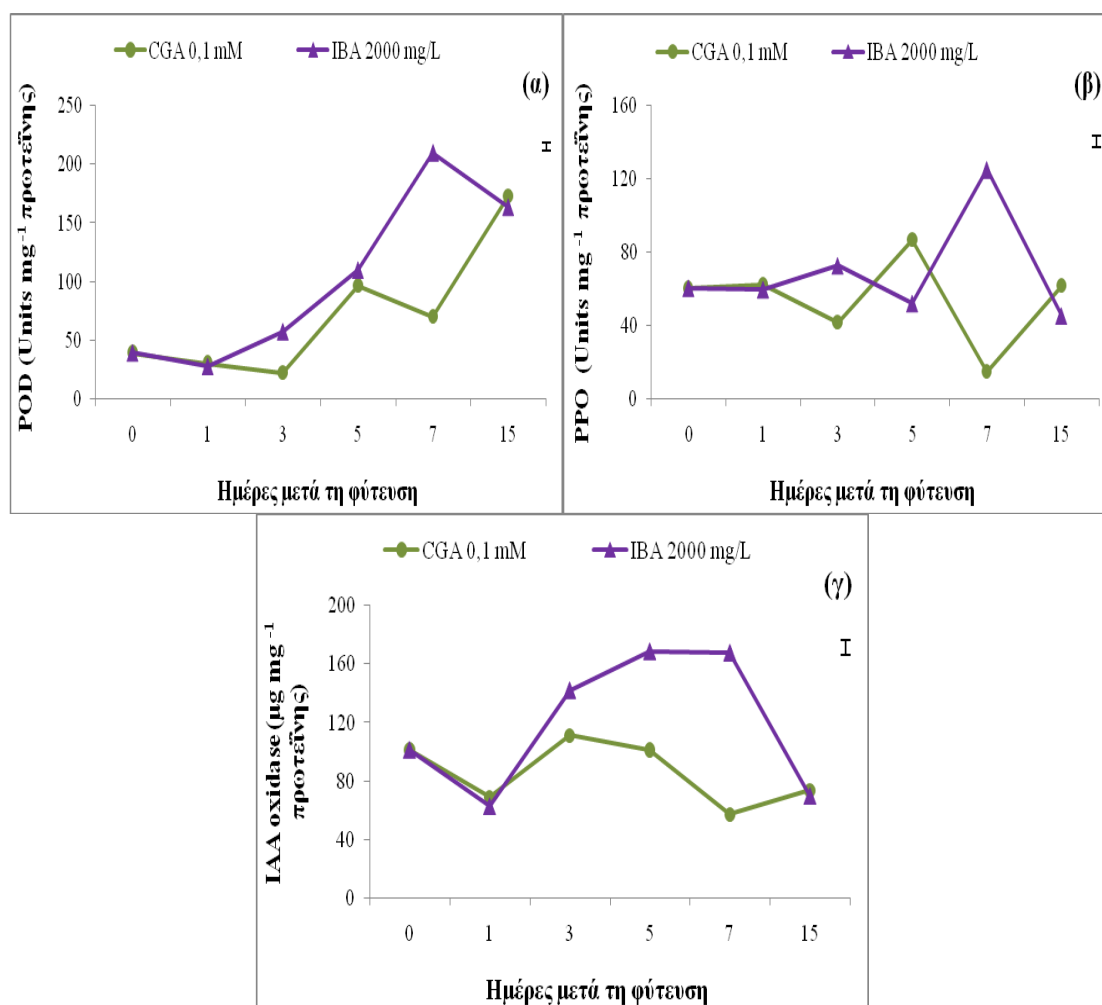
**Πίνακας 60.** Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' (2011-2012).

	Ενεργότητα Ενζύμων (Units mg <sup>-1</sup> πρωτεΐνης)		
	PPO	POD	IAA oxidase
<b>Επεμβάσεις</b>			
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	69,21a	100,82a	118,73a
CGA 0,1 mM	54,68b	71,67b	85,61b
<b>Ημέρες</b>			
0	60,43b	38,86d	101,35bc
1	67,53b	28,74d	65,81d
3	46,88bc	39,58d	126,59ab
5	106,01a	102,96c	135,01a
7	30,08c	139,53b	112,51ab
15	60,72b	167,78a	71,73cd

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας α=0,05 (n=8).

Το σχεδιάγραμμα 25 (α-γ) δείχνει ότι κατά τα πρώτα στάδια της ριζοβολίας παρατηρούμε διάφορες μεταβολές στην ενεργότητα όλων των ενζύμων. Στα

μοσχεύματα του μάρτυρα παρατηρήθηκε σημαντική αύξηση στην ενεργότητα των ενζύμων POD (Σχεδ. 25α), PPO (Σχεδ. 25β) και IAA oxidase (Σχεδ. 25γ) 3 ΗΜΦ που συνεχίστηκε μέχρι και τις 7 ΗΜΦ και στη συνέχεια 15 ΗΜΦ μειώθηκε σημαντικά (15 ΗΜΦ). Αντιθέτως, στα μοσχεύματα που δέχτηκαν την επέμβαση με 0,1 mM CGA παρατηρούμε ότι η ενεργότητα της POD και της PPO αυξήθηκε σημαντικά 5 ΗΜΦ, 7 ΗΜΦ μειώθηκε σημαντικά και αυξήθηκε πάλι 15 ΗΜΦ. Η ενεργότητα της IAA oxidase αυξήθηκε σημαντικά 3 ΗΜΦ, στη συνέχεια 7 ΗΜΦ μειώθηκε σημαντικά και στις 15 ημέρες αυξήθηκε και πάλι.



**Σχεδιάγραμμα 25.** Μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων PPO (α), POD (β) και IAA oxidase (γ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ στην ποικιλία 'Καλαμών' την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.3.4 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων

Σύμφωνα με τον πίνακα 61, οι επεμβάσεις και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τις συγκεντρώσεις των ολικών φαινολικών ενώσεων, των ολικών ο-διφαινολών, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβανολών. Η αλληλεπίδραση φαίνεται να είχε σημαντική επίδραση επί των συγκεντρώσεων των διαφόρων παραμέτρων με εξαίρεση τις ολικές φαινολικές ενώσεις και τις ολικές φλαβανόλες.

**Πίνακας 61.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων, των ολικών ο-διφαινολών, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβανολών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' (2011-2012).

Συγκέντρωση Φαινολικών Ενώσεων ( $\text{mg g}^{-1}$ ξηρού βάρους)				
	Ολικές φαινολικές ενώσεις	Ολικές ο-διφαινόλες	Ολικά φλαβονοειδή	Ολικές φλαβανόλες
<b>Επεμβάσεις</b>	***	***	***	*
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	**
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	ns	***	***	ns

Επεξηγήσεις: \*,  $p < 0,05$  – \*\*,  $p < 0,01$  – \*\*\*,  $p < 0,001$  – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

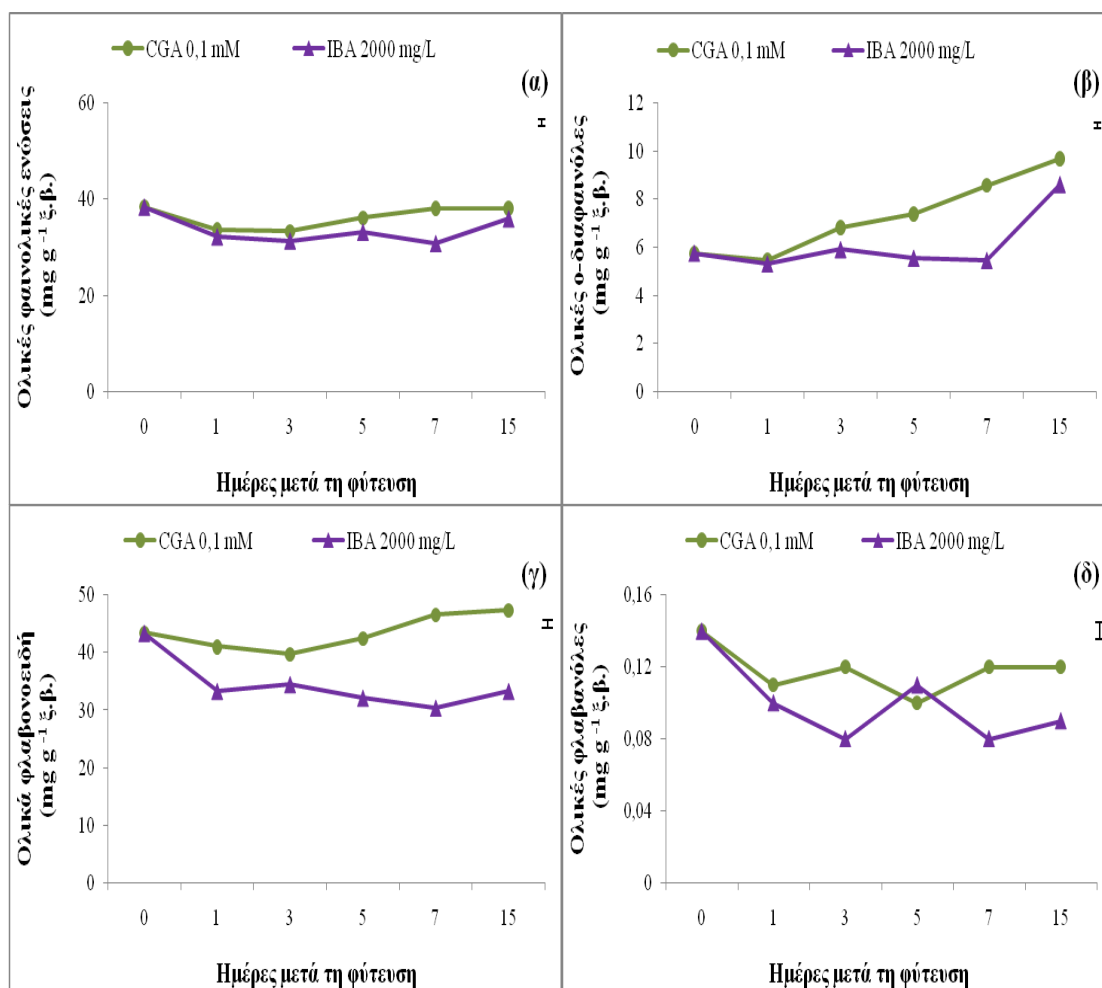
Στον πίνακα 62 παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα που δέχτηκαν την εφαρμογή του 0,1 mM CGA είχαν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση ολικών φαινολικών ενώσεων, ολικών ο-διφαινολών, ολικών φλαβονοειδών και ολικών φλαβανολών. Επίσης, παρατηρούμε ότι η συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβανολών ήταν στατιστικά σημαντικά υψηλότερη στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες), ενώ η συγκέντρωση των ολικών ο-διφαινολών ήταν μέγιστη 15 ΗΜΦ.

**Πίνακας 62.** Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών, των ολικών ο-διφαινολών, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβονολών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012).

<b>Συγκέντρωση Ολικών Φαινολικών Ενώσεων (mg g<sup>-1</sup> ξηρού βάρους)</b>				
<b>Παράμετρος</b>	<b>Ολικές φαινολικές ενώσεις</b>	<b>Ολικές ο-διφαινόλες</b>	<b>Ολικά φλαβονοειδή</b>	<b>Ολικές φλαβανόλες</b>
<b>Επεμβάσεις</b>				
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	33,74b	6,10b	34,46b	0,10b
CGA 0,1 mM	36,30a	7,28a	43,42a	0,12a
<b>Ημέρες</b>				
0	38,44a	5,76cb	43,40a	0,14a
1	32,96c	5,38d	37,14b	0,10b
3	32,42c	6,36bc	37,08b	0,10b
5	34,72bc	6,47bc	37,26b	0,10b
7	34,50bc	7,02b	38,46b	0,10b
15	37,08ab	9,17a	40,30ab	0,11b

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

Το σχεδιάγραμμα 26 δείχνει ότι οι συγκεντρώσεις των ολικών φαινολικών ενώσεων, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβονολών στα μοσχεύματα του μάρτυρα μειώνονται στην πορεία της ριζοβολίας (Σχεδ. 26α, 26γ και 26δ). Αντιθέτως, η συγκέντρωση των ολικών ο-διφαινολών καθώς και των ολικών φλαβονοειδών στα μοσχεύματα που δέχτηκαν την επέμβαση με CGA αυξήθηκε από τις 3 ΗΜΦ μέχρι και τις 15 ΗΜΦ που είχαν και τη μέγιστη τιμή (15 ΗΜΦ) (Σχεδ. 26β και 26γ). Ωστόσο, αύξηση στη συγκέντρωση των ολικών ο-διφαινολών παρατηρήθηκε και στα μοσχεύματα του μάρτυρα αλλά μόνο μετά τις 7 ΗΜΦ (Σχεδ 26β).



**Σχεδιάγραμμα 26.** Μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων (α), των ολικών ο-διφαινολών (β), των ολικών φλαβονοειδών (γ) και των ολικών φλαβανολών (δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στην ποικιλία ‘Καλαμών’ την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.3.5 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ενώσεων

Στον πίνακα 63 παρατηρούμε ότι οι επεμβάσεις και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τις συγκεντρώσεις ορισμένων μόνο φαινολικών ουσιών. Το ίδιο ισχύει και για την αλληλεπίδραση που ήταν σημαντική μόνο για τη συγκέντρωση της υδροξυτυροσόλης, της τυροσόλης, του βερμπασκοζίτη και της ελευρωπαίνης.

Σύμφωνα με τον πίνακα 64, η εξωγενής εφαρμογή του 0,1 mM CGA στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ οδήγησε σε στατιστικά σημαντική αύξηση της συγκέντρωσης της υδροξυτυροσόλης, της τυροσόλης, του βερμπασκοζίτη και του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης, ενώ δεν επηρέασε τη συγκέντρωση των υπόλοιπων. Όσον

αφορά την επίδραση των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών παρατηρούμε αύξηση της συγκέντρωσης της τυροσόλης 1 και 3 ΗΜΦ, του CGA 5 ΗΜΦ και του βερμπασκοζίτη 15 ΗΜΦ. Τέλος, η συγκέντρωση του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης και της ελευρωπαϊνης ήταν σημαντικά αυξημένη στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες). Αντίθετα οι συγκεντρώσεις των υπόλοιπων φαινολικών δεν μεταβλήθηκαν σημαντικά κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας.

Το σχεδιάγραμμα 27 (α-στ) δείχνει πιο αναλυτικά τις μεταβολές των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στην πορεία της ριζοβολίας. Η επέμβαση με CGA αύξησε σημαντικά τις συγκεντρώσεις της υδροξυτυροσόλης, της τυροσόλης και του CGA από την ημέρα της φύτευσης μέχρι και 5 ΗΜΦ, ενώ μειώθηκαν στη συνέχεια (Σχεδ. 27α-γ). Τα μοσχεύματα του μάρτυρα παρουσίασαν παρόμοια συμπεριφορά μόνο για το CGA ενώ οι συγκεντρώσεις των υδροξυτυροσόλη και τυροσόλη παρά τη μικρή αρχική αύξηση (1 ΗΜΦ) μειώθηκαν σημαντικά από τις 3 ΗΜΦ μέχρι και τις 5 ή 7 ΗΜΦ αντίστοιχα, που αυξήθηκαν και πάλι. Αξιοσημείωτο είναι το γεγονός ότι τις ημέρες που η συγκέντρωση της υδροξυτυροσόλης και της τυροσόλης ήταν μέγιστη στα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με CGA, τα μοσχεύματα του μάρτυρα εμφάνισαν την ελάχιστη συγκέντρωση αυτών.

Η συγκέντρωση του βερμπασκοζίτη αυξήθηκε συνεχώς στη διάρκεια της ριζοβολίας και για τις δύο επεμβάσεις και έφτασε τη μέγιστη τιμή του 15 ΗΜΦ (Σχεδ. 27δ), με την αύξηση αυτή να είναι σημαντικά υψηλότερη για την επέμβαση με CGA. Η συγκέντρωση του 7-γλυκοζίτη της λουτεολίνης ήταν μέγιστη στην αρχή της ριζοβολίας (0 ΗΜΦ), ανεξαρτήτου επέμβασης και στην πορεία της ριζοβολίας μειώθηκε (Σχεδ. 27ε). Τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με CGA παρουσίασαν σημαντική μείωση στη συγκέντρωση της ρουτίνης 5 ΗΜΦ και στη συνέχεια παρατηρήθηκε αύξηση αυτής, η οποία όμως δεν ήταν στατιστικά σημαντική (Σχεδ. 27στ). Αντίθετα, τα μοσχεύματα του μάρτυρα είχαν τη στατιστικά σημαντικά υψηλότερη συγκέντρωση ρουτίνης 5 ΗΜΦ η οποία στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά. Η ελευρωπαϊνη ήταν μέγιστη τόσο για τα μοσχεύματα που δέχτηκαν την εφαρμογή του CGA όσο και για τα μοσχεύματα του μάρτυρα στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) και στη συνέχεια μειώθηκε σημαντικά (Σχεδ. 27ζ). Τέλος, οι συγκεντρώσεις της κερκετίνης και της λουτεολίνης δε μεταβλήθηκαν σημαντικά για καμία επέμβαση στην πορεία των 15 ημερών της ριζοβολίας (Σχεδ. 27η και 27θ).

**Πίνακας 63.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού περιβάλλοντος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' (2011-2012).

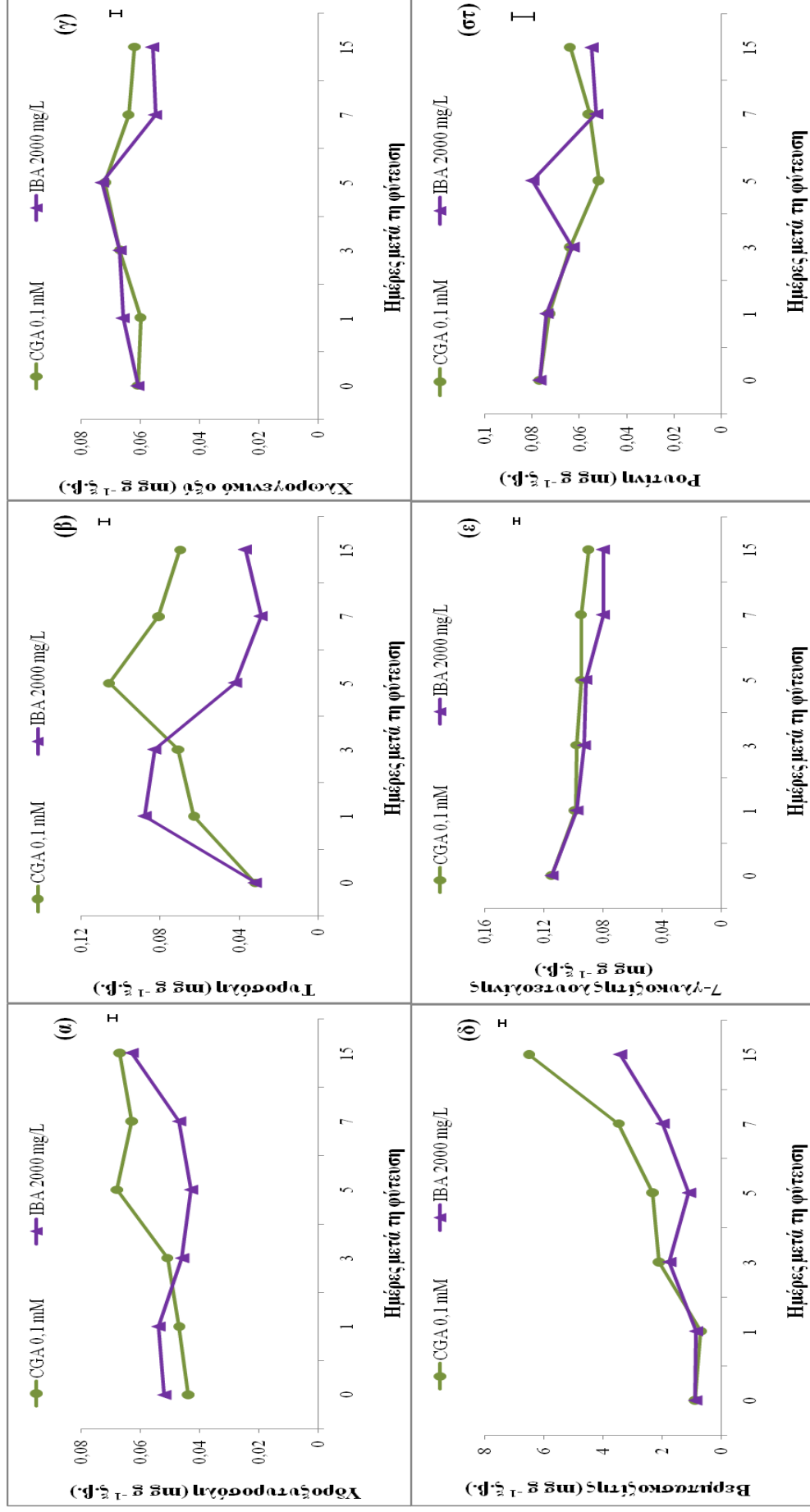
Παράμετρος	Συγκέντρωση Μεμονωμένων Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> Ξηρού βάρους)									
	HT	TYR	CGA	VER	LUT-7-GLUC	RUTIN	OLE	QUERCETIN	LOUTTEOLIN	
Επεμβάσεις	**	*	ns	***	**	ns	ns	ns	ns	ns
Ημέρες	ns	**	**	***	***	ns	***	ns	ns	ns
Επεμβάσεις x Ημέρες	***	**	ns	***	ns	ns	***	ns	ns	ns

Επεξηγήσεις: \*, p<0,05 – \*\*, p<0,01 – \*\*\*, p<0,001 – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

**Πίνακας 64.** Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' (2011-2012).

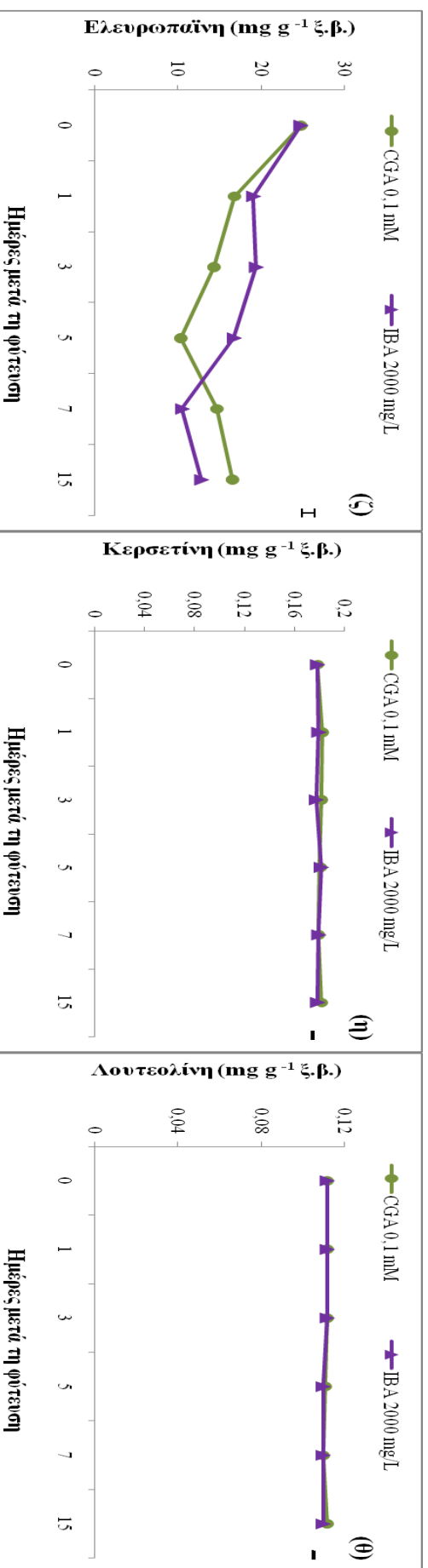
Παράμετρος	Συγκέντρωση Μεμονωμένων Φαινολικών Ουσιών (mg g <sup>-1</sup> Ξηρού βάρους)									
	HT	TYR	CGA	VER	LUT-7-GLUC	RUTIN	OLE	QUERCETIN	LOUTTEOLIN	
Επεμβάσεις										
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	0,049b	0,052b	0,063a	1,40b	0,093b	0,067a	17,26a	0,181a	0,110a	0,110a
CGA 0,1 mM	0,051a	0,070a	0,064a	2,67a	0,099a	0,064a	16,30a	0,179a	0,110a	0,110a
Ημέρες										
0	0,054a	0,032b	0,061ab	0,89c	0,115a	0,077a	24,83a	0,179a	0,112a	0,112a
1	0,048a	0,076a	0,064ab	0,78c	0,098b	0,074a	17,98b	0,182a	0,112a	0,112a
3	0,050a	0,077a	0,067ab	1,94b	0,095bc	0,064a	16,90bc	0,180a	0,112a	0,112a
5	0,048a	0,067ab	0,073a	1,72b	0,094bc	0,066a	13,58bc	0,182a	0,111a	0,111a
7	0,056a	0,061ab	0,060b	2,73b	0,088bc	0,055a	12,65c	0,180a	0,110a	0,110a
15	0,055a	0,053ab	0,059b	4,97a	0,085c	0,060a	14,72bc	0,181a	0,110a	0,110a

Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας α=0,05 (n=8).



**Σχεδιόγραμμα 27 (α-στ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).





**Σχεδιάγραμμα 27 (z-θ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

### 3.3.6 Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στη συγκέντρωση των πολυαμινών

Σύμφωνα με τον πίνακα 65, οι επεμβάσεις και οι ΗΜΦ επηρέασαν σημαντικά τη συγκέντρωση των μεμονωμένων και ολικών πολυαμινών, με εξαίρεση την ολική σπερμίνη για τις επεμβάσεις. Οι αλληλεπιδράσεις είχαν σημαντική επίδραση μόνο επί των συγκεντρώσεων της πουτρεσκίνης και σπερμιδίνης.

**Πίνακας 65.** Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012).

Συγκέντρωση Ολικών Πολυαμινών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)				
	Put	Spd	Spm	Total PAs
<b>Επεμβάσεις</b>	***	***	ns	***
<b>Ημέρες</b>	***	***	***	***
<b>Επεμβάσεις x Ημέρες</b>	***	***	ns	ns

Επεξηγήσεις: \*, p<0,05 – \*\*, p<0,01 – \*\*\*, p<0,001 – p, πιθανότητα – ns, μη στατιστικά σημαντική επίδραση – x, υποδηλώνει αλληλεπίδραση.

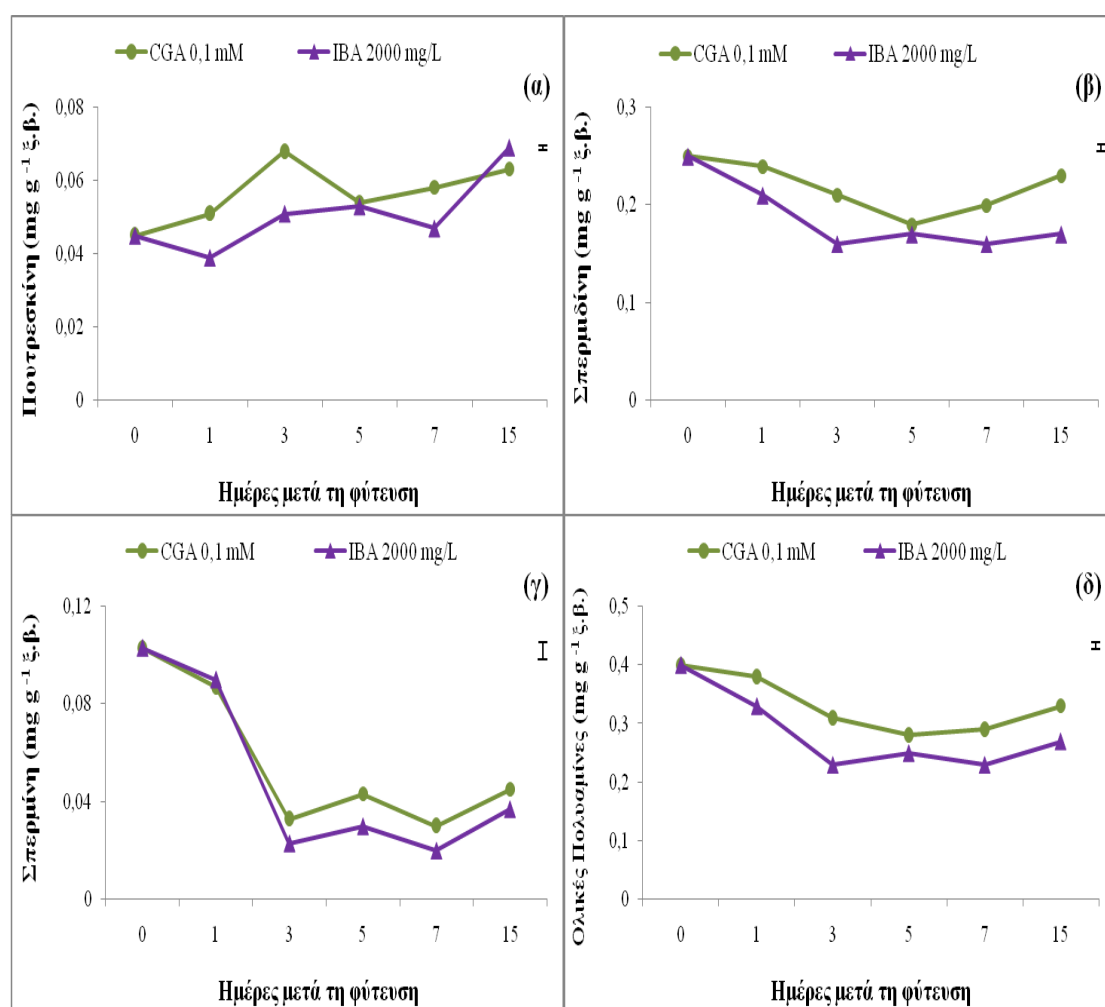
**Πίνακας 66.** Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012).

Παράμετρος	Συγκέντρωση Ολικών Πολυαμινών (mg g <sup>-1</sup> ξηρού βάρους)			
	Put	Spd	Spm	Total PAs
<b>Επεμβάσεις</b>				
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	0,051b	0,19b	0,051a	0,29b
CGA 0,1 mM	0,056a	0,22a	0,057a	0,33a
<b>Ημέρες</b>				
0	0,045d	0,25a	0,103a	0,40a
1	0,044d	0,23b	0,088a	0,35b
3	0,060b	0,19cd	0,028b	0,27cd
5	0,053c	0,17d	0,037b	0,26d
7	0,052c	0,18cd	0,025b	0,25d
15	0,066a	0,20c	0,041b	0,30c

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας α=0,05 (n=8).

Ο πίνακας 66 δείχνει ότι η εφαρμογή CGA αύξησε σημαντικά τη συγκέντρωση των πολυαμινών στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, με εξαίρεση αυτή της ολικής σπερμίνης. Στη διάρκεια της ριζοβολίας, η συγκέντρωση της πουτρεσκίνης παρουσίασε αυξομειώσεις και τελικά είχε τη μέγιστη τιμή 15 ΗΜΦ

(Σχεδ. 28α). Ειδικότερα στο μάρτυρα, η πουτρεσκίνη έδειξε προσωρινή μείωση (1 ΗΜΦ), στη συνέχεια παρουσίασε αυξομειώσεις που τελικά οδήγησαν σε σημαντική αύξησή της (15 ΗΜΦ), σημαντικά μεγαλύτερη από αυτή του CGA. Αντιθέτως, οι υψηλότερες συγκεντρώσεις ολικής σπερμιδίνης, ολικής σπερμίνης και ολική συγκέντρωση πολυαμινών βρέθηκαν και στις δύο επεμβάσεις στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) και στη συνέχεια μειώθηκαν (Σχεδ. 28α-δ). Η μείωση όμως ήταν σημαντικά μεγαλύτερη στα μοσχεύματα του μάρτυρα. Ειδικότερα οι ολικές πολυαμίνες είχαν υψηλότερη συγκέντρωση για την επέμβαση με CGA σε σχέση με το μάρτυρα σε όλη την πορεία της ριζοβολίας.



**Σχεδιάγραμμα 28.** Μεταβολές των ολικών πολυαμινών (α-δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στην ποικιλία 'Καλαμών' την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ).

#### 4. Συζήτηση

Η ριζοβολία των μοσχευμάτων εξαρτάται από πολλούς παράγοντες. Η εύρεση της κατάλληλης αυξίνης ή ο συνδυασμός των αυξινών στην κατάλληλη συγκέντρωση είναι ο σημαντικότερος παράγοντας που καθορίζει την επιτυχία της ριζοβολίας των μοσχευμάτων (Couvillon, 1988; Hartmann et al., 2001; Fabbri et al., 2004). Εν τούτοις, παρατηρούμε ότι σε ορισμένα φυτικά είδη και ειδικά στις δύσκολες για ριζοβολία ποικιλίες ελιάς δεν επιτυγχάνεται ικανοποιητικό ποσοστό ριζοβολίας με την εφαρμογή αυξίνης, ανεξαρτήτως συγκεντρώσεως ή και συνδυασμού των εφαρμοζόμενων αυξινών. Επομένως, χρειάζεται πιθανόν η εφαρμογή άλλων ουσιών, που σε συνδυασμό με τις αυξίνες, θα μπορούσαν να προωθήσουν τη ριζοβολία των μοσχευμάτων σε επίπεδα υψηλότερα σε σχέση με αυτά των αυξινών.

Στην παρούσα μελέτη παρατηρούμε ότι ανεξαρτήτου εξωγενούς εφαρμογής ουσιών τα ποσοστά ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ήταν πολύ υψηλά (85-100%) και τις δύο περιόδους (καλοκαίρι και φθινόπωρο), ενώ τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ριζοβόλησαν σε υψηλότερα ποσοστά το φθινόπωρο (έως 25%) (Πίνακες 52, 53 και 55). Είναι γνωστό από προηγούμενες μελέτες ότι η ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων εξαρτάται, εκτός των άλλων, από την εποχή συλλογής των μοσχευμάτων (Swamy et al., 2002). Με βάση αυτές τις αναφορές, η άνοιξη, νωρίς το καλοκαίρι ή το φθινόπωρο έχουν βρεθεί να είναι οι πιο κατάλληλες εποχές για τη ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς (Fouad et al., 1990; Del Rio et al., 1991; Usta, 1999). Επίσης, έχει βρεθεί ότι η εποχική διακύμανση της ριζοβολίας συνδέεται με τη φυσιολογική κατάσταση του μοσχεύματος (Wiesman και Epstein, 1987; Fouad et al., 1990; Usta, 1999; Ahmed et al., 2002).

Στην παρούσα μελέτη (Κεφάλαιο 1 – Μέρος Δεύτερο) βρέθηκε ότι οι αρχικές συγκεντρώσεις των μεμονωμένων και των ολικών σακχάρων, ιδίως εκείνες της σακχαρόζης, της γλυκόζης και της μαννιτόλης ήταν υψηλότερες στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ σε σύγκριση με της ‘Καλαμών’, εξηγώντας μερικώς την καλύτερη ριζοβολία της ποικιλίας ‘Arbequina’. Είναι γνωστό ότι τα διαλυτά σάκχαρα είναι σημαντικά για την έναρξη του σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων (Veierskov, 1989; Agulló-Antón et al., 2011). Για το λόγο αυτό εφαρμόστηκαν διάφορα σάκχαρα ώστε να αυξηθούν τα ενεργειακά αποθέματα των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’, τόσο αρχικά όσο και κατά τα πρώτα στάδια της ριζογένεσης, με τελικό σκοπό την αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας.

Η εξωγενής εφαρμογή των σακχάρων, με εξαίρεση αυτή της 5% γλυκόζης και της 10% σακχαρόζης, αύξησε τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' σε ποσοστό 11-16% (Πίνακας 53). Αύξηση της ριζοβολίας κατόπιν εφαρμογής υδατανθράκων σε μοσχεύματα ελιάς βρέθηκε από τους Loach και Whalley (1978). Επίσης, τα αποτελέσματα της παρούσας μελέτης επαληθεύουν αυτά του Veierskov (1989), σύμφωνα με τα οποία η αποτελεσματικότητα της εξωγενούς εφαρμογής των υδατανθράκων στη ριζοβολία εξαρτάται από τον τύπο του εφαρμοζόμενου σακχάρου και ότι οι συγκεντρώσεις τους κυμαίνονται συνήθως μεταξύ 0,5-2% (w/v). Υψηλότερες συγκεντρώσεις των παρεχόμενων υδατανθράκων δρουν ανασταλτικά της ριζοβολίας τόσο σε ετήσια (ποώδη) όσο και σε ξυλώδη είδη φυτών (Ernstsen και Hansen, 1986). Έχει βρεθεί ότι η αφομοίωση και η μεταφορά των εξωγενώς εφαρμοζόμενων υδατανθράκων στα μοσχεύματα γίνεται δια μέσου του ξύλου και μπορούν να προκαλέσουν αύξηση του οσμωτικού δυναμικού επιδρώντας στο υδατικό ισοζύγιο εντός του μοσχεύματος (Flora και Madore, 1993). Επομένως, εάν για παράδειγμα εφαρμοστεί 2% σακχαρόζη (w/v), το οσμωτικό δυναμικό στο εσωτερικό του φυτού είναι περίπου -0,15 MPa. Σε μεγαλύτερο οσμωτικό δυναμικό η αφομοίωση των υδατανθράκων δημιουργεί μη φυσιολογικές συνθήκες στο εσωτερικό του φυτού. Επομένως, σύμφωνα με την παραπάνω παρατήρηση η 5% γλυκόζη και η 10% σακχαρόζη πιθανόν να προκάλεσαν αύξηση του οσμωτικού δυναμικού μεγαλύτερη από τις φυσιολογικές τιμές για τα φυτά και αυτό ίσως δικαιολογεί τη μη επίδραση στη ριζοβολία.

Τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Arbequina' είχαν υψηλότερη συγκέντρωση ελεύθερων και ολικών πολυαμινών αρχικά και στην πορεία των 15 ημερών της ριζοβολίας (Κεφάλαιο 2 – Μέρος Δεύτερο). Επίσης, παρατηρήθηκε θετική συσχέτιση μεταξύ των αρχικών συγκεντρώσεων της ελεύθερης πουτρεσκίνης και σπερμιδίνης και της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Arbequina', γεγονός που μας οδήγησε στο συμπέρασμα ότι οι πολυαμίνες και ιδίως στην ελεύθερή τους μορφή εμπλέκονται στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς. Επομένως, κρίθηκε σκόπιμη η εξωγενής εφαρμογή πολυαμινών στα φυλλοφόρα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' ώστε να διερευνηθεί η πιθανότητα βελτίωσης της ριζοβολίας.

Η επίδραση των πολυαμινών στη ριζοβολία εξαρτάται από το φυτικό είδος καθώς επίσης και από τη φυσιολογική κατάσταση των μητρικών φυτών την περίοδο λήψης των μοσχευμάτων (Rugini et al., 1993). Στα μοσχεύματα της ποικιλίας

‘Καλαμών’ η εξωγενής εφαρμογή της πουτρεσκίνης σε συγκέντρωση 0,1 mM ή 10 mM το φθινόπωρο όταν συνδυάστηκε με το IBA αύξησε τα ποσοστά ριζοβολίας σε ποσοστό 10% (Πίνακας 53). Η αύξηση αυτή θα μπορούσε να αποδοθεί στην πιθανή αύξηση της ενδογενούς πουτρεσκίνης, η οποία βρέθηκε μειωμένη στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ σε προηγούμενο κεφάλαιο. Σε παρόμοιο συμπέρασμα κατέληξαν και οι Rugini et al. (1993 και 1997) οι οποίοι εργάστηκαν επίσης με μοσχεύματα ελιάς. Επίσης και άλλοι ερευνητές αναφέρουν αύξηση των ποσοστών ριζοβολίας σε μοσχεύματα άλλων φυτικών ειδών μετά από εφαρμογή πουτρεσκίνης (Sankhla και Upadhyaya 1988; Hausman et al., 1997; Naija et al., 2009; Cristofori et al., 2010).

Ωστόσο, παρατηρήσαμε ότι οι εξωγενώς εφαρμοσθείσες σπερμιδίνη και σπερμίνη δεν προώθησαν τη ριζοβολία στην ποικιλία ‘Καλαμών’ (Πίνακας 55), αποτελέσματα τα οποία έρχονται σε αντίθεση με άλλους ερευνητές τόσο για την ελιά (Rugini et al., 1990; Rugini et al., 1997), όσο και για άλλα φυτικά είδη (Sankhla και Upadhyaya 1988; Tang και Newton 2005). Αυτό οφείλεται πιθανόν στην έλλειψη ευαισθησίας ή στη μη αντίδραση των ιστών της ποικιλίας ‘Καλαμών’ στο ερέθισμα των παραπάνω πολυαμινών για διέγερση της ριζοβολίας. Επομένως, συμπεραίνεται ότι από τις εφαρμοζόμενες πολυαμίνες μόνο η πουτρεσκίνη είναι κατάλληλη για την προώθηση της ριζοβολίας στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Τα αποτελέσματα αυτά συμφωνούν με τους Gaspar et al. (1997), οι οποίοι πρότειναν ότι η εξωγενής εφαρμογή της πουτρεσκίνης πριν τη φύτευση των μοσχευμάτων ή στο αρχικό στάδιο της επαγωγής της ριζοβολίας προάγει τη ριζοβολία σε βλαστούς λεύκας.

Από μετρήσεις που προηγήθηκαν βρέθηκε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν αυξημένη ενεργότητα των ενζύμων POD, PPO και IAA oxidase τόσο αρχικά όσο και σε ολόκληρη την πορεία της ριζοβολίας (Κεφάλαιο 3 – Μέρος Δεύτερο). Επομένως, η αδυναμία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ να ριζοβολήσουν μπορεί εν μέρει να οφείλεται και στην αυξημένη ενεργότητα των οξειδοοδουκτασών που πιθανόν μειώνουν τη συγκέντρωση της αυξίνης σε επίπεδο όχι επαρκές για την προώθηση της ριζοβολίας. Από μελέτες που έχουν γίνει φαίνεται ότι το  $\text{NaN}_3$  καθώς και το KCN αποτελούν παρεμποδιστές της δράσης του ενζύμου POD (Hwang et al., 2008; Yadav et al., 2011). Συνεπώς, η εξωγενής εφαρμογή  $\text{NaN}_3$  και KCN σε διάφορες συγκεντρώσεις είχε ως στόχο να μειώσει την ενεργότητα της

POD έτσι ώστε να επιτευχθεί καλύτερη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών'. Αποτέλεσμα της εφαρμογής των παραπάνω ενώσεων ήταν η σημαντική αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας της ποικιλίας 'Καλαμών' (Πίνακας 55).

Η ριζοβολία των μοσχευμάτων μπορεί να βελτιωθεί και με την εξωγενή εφαρμογή φαινολικών ενώσεων, αλλά αυτό εξαρτάται από την ποιοτική και ποσοτική κατανομή των ενδογενών φαινολικών ενώσεων, καθώς και από το είδος και τη συγκέντρωση των εφαρμοζόμενων ενώσεων (Curir et al., 1993; Trobec et al., 2005; Patel και Thaker, 2007). Στη δύσκολη ποικιλία 'Καλαμών' οι συγκεντρώσεις των ενδογενών φαινολικών ενώσεων που ενδεχομένως προάγουν τη ριζοβολία (χλωρογενικό οξύ, ρουτίνη, 7-γλυκοζίτης της λουτεολίνης, λουτεολίνη και κερκετίνη) ήταν σχετικά χαμηλές (Κεφάλαιο 4 – Μέρος Δεύτερο). Για το λόγο αυτό εφαρμόστηκε εξωγενώς ρουτίνη και χλωρογενικό οξύ σε διάφορες συγκεντρώσεις. Οι επεμβάσεις αυτές αύξησαν σημαντικά το ποσοστό ριζοβολίας στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' (Πίνακες 53 και 55). Ωστόσο, η εφαρμογή της ρουτίνης αύξησε τη ριζοβολία σε ποσοστό 23% μόνο την πρώτη χρονιά της εφαρμογής, ενώ τη δεύτερη χρονιά τα ποσοστά ριζοβολίας ήταν πιο χαμηλά (13% και 10%). Αντίθετα, εντυπωσιακή αύξηση της ριζοβολίας σε ποσοστό 25% (400% αύξηση σε σχέση με το IBA) επιτεύχθηκε κατόπιν εφαρμογής CGA και τις δύο χρονιές που έλαβαν χώρα τα πειράματα.

Ανάμεσα στις φαινολικές ενώσεις που έχουν εφαρμοστεί εξωγενώς με επιτυχία το χλωρογενικό οξύ φαίνεται να είναι το καλύτερο για την προώθηση της ριζοβολίας (Trobec et al., 2005), παρατήρηση που συμφωνεί με τα αποτελέσματα της παρούσας εργασίας. Επίσης, η εξωγενής εφαρμογή του χλωρογενικού οξέος στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' προκάλεσε αύξηση της συγκέντρωσης των διαφόρων βιοχημικών παραμέτρων με εξαίρεση την ενεργότητα των ενζύμων όπου παρατηρήθηκε μείωση. Ειδικότερα, βλέπουμε ότι τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με χλωρογενικό οξύ είχαν υψηλότερη συγκέντρωση ενδογενών υδατανθράκων σε ολόκληρη την πορεία της ριζοβολίας (εκτός της φρουκτόζης και της μαννιτόλης) (Πίνακες 58 και Σχεδ. 24). Η αύξηση των υδατανθράκων και ιδίως της γλυκόζης δείχνει ενδεχομένως ότι τα μοσχεύματα που μεταχειρίστηκαν με χλωρογενικό οξύ είχαν μεγαλύτερα ενεργειακά αποθέματα κατά τα πρώτα στάδια της ριζογένεσης, εξηγώντας μερικώς την καλύτερη ριζοβολία σε σχέση με το μάρτυρα. Η αυξημένη διαθεσιμότητα των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων αποτελεί

ένα σημαντικό παράγοντα για την αποδιαφοροποίηση των κυττάρων και την έναρξη σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων (Veierskov et al., 1997). Επίσης, παρατηρήθηκε σημαντική μείωση των υδατανθράκων 15 ΗΜΦ στη ζώνη ριζοβολίας των μοσχευμάτων που δέχτηκαν την εφαρμογή του χλωρογενικού οξέος, γεγονός που δείχνει ότι τα σάκχαρα αυτά χρησιμοποιήθηκαν για την ανάπτυξη των ριζικών καταβολών σύμφωνα με τους Husen και Pal (2007).

Στην ελιά καθώς και σε άλλα φυτικά είδη έχει παρατηρηθεί ότι η συγκέντρωση των ενδογενών πολυαμινών (ελεύθερες και συζευγμένες) επηρεάζει και συμβάλει θετικά στη ριζοβολία των μοσχευμάτων (Rugini et al., 1991 και 1993). Στην παρούσα εργασία παρατηρούμε ότι τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' που μεταχειρίστηκαν με χλωρογενικό οξύ είχαν υψηλότερη συγκέντρωση ολικών πολυαμινών (εκτός της ολικής σπερμίνης) (Πίνακας 66). Επομένως, θα μπορούσαμε να υποθέσουμε ότι η υψηλότερη ριζοβολία που παρατηρήθηκε κατόπιν της εφαρμογής του χλωρογενικού οξέος ίσως να συνδέεται μεταξύ άλλων και με την αυξημένη συγκέντρωση των πολυαμινών στα παραπάνω μοσχεύματα (Tang και Newton, 2005).

Ιδιαίτερα σημαντική είναι η παρουσία υψηλών συγκεντρώσεων αυξίνης κατά το στάδιο αποδιαφοροποίησης των κυττάρων και στην πρώτη φάση του σταδίου έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων (Gaspar et al., 1997; Hartmann et al., 2001). Στα μετέπειτα στάδια οι υψηλές συγκεντρώσεις της αυξίνης δρουν ανασταλτικά με αποτέλεσμα να κρίνεται απαραίτητο να μειωθούν οι συγκεντρώσεις της (Gaspar et al., 1997). Συνεπώς, η μικρή αύξηση της ενεργότητας των ενζύμων POD, PPO και IAA oxidase στις βάσεις των μοσχευμάτων που εφαρμόστηκε το χλωρογενικό οξύ στο στάδιο έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων (Πίνακας 60 και Σχεδ. 25), συνέβαλλε στην απαραίτητη για τη ριζοβολία μείωση της συγκέντρωσης της αυξίνης, όπως έχει προηγουμένως παρατηρηθεί από τους Megre et al. (2011). Ωστόσο, η αύξηση της ενεργότητας των ενζύμων και κυρίως της IAA oxidase παρέμεινε σε χαμηλότερα επίπεδα σε σχέση με το μάρτυρα (Σχεδ. 25γ). Η παρατήρηση αυτή μας οδηγεί στο συμπέρασμα ότι το εξωγενώς παρεχόμενο χλωρογενικό οξύ έδρασε πιθανόν ως παρεμποδιστής κυρίως του ενζύμου IAA oxidase και έτσι προστάτευσε τη φυσική αυξίνη από την οξειδωση, ιδιαίτερα στα πρώτα στάδια της ριζογένεσης που απαιτούνται υψηλές συγκεντρώσεις IAA (Curir et al., 1993; Hartmann et al., 2001; Faivre-Rampant et al., 2002; Osterc et al., 2007).



Δηλαδή, η εξωγενής εφαρμογή του χλωρογενικού οξέος συνετέλεσε στην καλύτερη εξοικονόμηση ελεύθερης αυξίνης στο στάδιο έναρξης σχηματισμού των ριζικών αρχηγόνων, γεγονός που φαίνεται να επηρέασε θετικά την όλη διαδικασία της ριζογένεσης και εν τέλει οδήγησε σε αυξημένα ποσοστά ριζοβολίας.

Επομένως, παρατηρούμε ότι η εξωγενής εφαρμογή του χλωρογενικού οξέος προκάλεσε μεταβολές στη συγκέντρωση των διαφόρων βιοχημικών παραγόντων που ίσως να οδήγησαν τελικά στην αύξηση της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών'. Ωστόσο πρέπει ακόμα να διερευνηθούν οι μηχανισμοί με τους οποίους το χλωρογενικό οξύ προκάλεσε αυτές τις αλλαγές στους ανωτέρω βιοχημικούς παράγοντες.

## 5. Συμπεράσματα

Από την παρούσα μελέτη συμπεραίνεται ότι η καλύτερη εποχή για τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' ήταν το φθινόπωρο. Η εξωγενής εφαρμογή των υδατανθράκων, με εξαίρεση τη 5% γλυκόζη και τη 10% σακχαρόζη, αύξησε τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' σε ποσοστό 11-16%. Επίσης, συμπεραίνεται ότι η πουτρεσκίνη σε συγκέντρωση 0,1 mM ή 10 mM όταν συνδυάστηκε με το IBA αύξησε τη ριζοβολία σε ποσοστό 10% το φθινόπωρο. Αντιθέτως, η εφαρμογή σπερμιδίνης και σπερμίνης δεν προώθησαν τη ριζοβολία.

Με όλες τις συγκεντρώσεις του  $\text{NaN}_3$  και του KCN επιτεύχθηκε αύξηση της ριζοβολίας για τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών', με τα στατιστικά σημαντικά υψηλότερα ποσοστά να παρατηρούνται για τις επεμβάσεις με 10 mM  $\text{NaN}_3$  και 1 mM KCN. Τέλος, η εξωγενής εφαρμογή του χλωρογενικού οξέος σε διάφορες συγκεντρώσεις οδήγησε σε ιδιαίτερα σημαντική αύξηση της ριζοβολίας στα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' και τις δύο χρονιές μέχρι 25%. Η εξωγενής εφαρμογή της ρουτίνης αύξησε σημαντικά τη ριζοβολία σε ποσοστό 23% μόνο την πρώτη χρονιά της εφαρμογής, ενώ τη δεύτερη τα ποσοστά ριζοβολίας ήταν πιο χαμηλά (13% και 10%). Συμπεραίνεται ότι η εφαρμογή του 0,1 mM CGA για 30 min το φθινόπωρο μπορεί να χρησιμοποιηθεί με επιτυχία σε εμπορική κλίμακα για να αυξήσει έως και 400% τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών' (ποσοστό ριζοβολίας μέχρι 25%).

## 6. Βιβλιογραφία

- Agulló-Antón, M.Á., Sánchez-Bravo, J., Acosta, M., Druege, U., 2011. Auxins or sugars: what makes the difference in the adventitious rooting of stored carnation cuttings? *Journal of Plant Growth Regulation* 30, 100-113.
- Ahmed, M., Laghari, M.H., Ahmed, I., Khokhar, K.M., 2002. Seasonal variation in rooting of leafy olive cuttings. *Asian Journal of Plant Science* 1(3), 228-229.
- Batish, D.R., Singh, H.P., Kaur, S., Kohli, R.K., Yadav, S.S., 2008. Caffeic acid affects early growth and morphogenetic response of hypocotyl cuttings of mung bean (*Phaseolus aureus*). *Journal of Plant Physiology* 165, 297-305.
- Bais, H.P., Vepachedu, R., Gilroy, S., Callaway, R.M., Vivanco, J.M., 2003. Allelopathy and exotic plant invasion: from molecules and genes to species interactions. *Science* 301, 1377-1380.
- Couvillon, G.A., 1988. Rooting responses to different treatments. *Acta Horticulturae* 227, 187-196.
- Cristofori, V., Roupael, Y., Rugini, E., 2010. Collection time, cutting age, IBA and putrescine effects on root formation in *Corylus avellana* L. cuttings. *Scientia Horticulturae* 124, 189-194.
- Curir, P., Sulis, S., Mariani, F., van Sumere, C.F., Marchesini, A., Dolci, M., 1993. Influence of endogenous phenols on rootability of *Chamaelaucium uncinatum* Schauer stem cuttings. *Scientia Horticulturae* 55, 103-314.
- DeKlerk, G.J., Van der Krieken, W., De Jong, J.C., 1999. The formation of adventitious roots: new concepts, new possibilities. *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant* 35, 189-199.
- Del Rio, C., Rallo, L., Caballero, J.M., 1991. Effects of carbohydrate content on the seasonal rooting of vegetative and reproductive cuttings of olive. *Journal of Horticultural Science* 66, 301-309.
- Ernsten, A., Hansen, J., 1986. Influence of gibberellic acid and stock plant irradiance on carbohydrate content and rooting in cuttings of Scots pine seedlings (*Pinus sylvestris* L.). *Tree Physiology* 1, 115-125.
- Fabbri, A., Bartolini, G., Lambardi, M., Kailis, S.G., 2004. Olive propagation manual. Landlinks Press, 150 Oxford Street, Collingwood VIC 3066, Australia.

- Faivre-Rampant, O., Charpentier, J.P., Kevers, C., CDommes, J., van Onckelen, H., Jay-Allemand, C., Gaspar, T., 2002. Cuttings of the non-rooting rac tobacco mutant overaccumulate phenolic compounds. *Functional Plant Biology* 29, 63-71.
- Flora, L.L., Madore, M.A., 1993. Stachyose and mannitol transport in olive (*Olea europaea* L.). *Planta* 189, 484-490.
- Fouad, M.M., Fayek, M.A., Selim, H.H., El-Sayed, M.E., 1990. Rooting of eight olive cultivars under mist. *Olive growing, Acta Horticulturae* 286, 57-60.
- Friedman, R., Altman, A., Bachrach, U., 1982. Polyamines and root formation in mung bean hypocotyls cuttings: I. Effects of exogenous compounds and changes in endogenous polyamine content. *Plant Physiology* 70, 844-848.
- Fuchs, H.W.M., 1986. Root regeneration in rose plants as influenced by applied auxins. *Acta Horticulturae* 189, 101-108.
- Gaspar, T., Kevers, C., Hausman, J.F., 1997. Indissociable chief factors in the inductive phase of adventitious rooting, in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 55-63.
- Hartmann, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T., Geneve, R.L., 2001. *Plant propagation principles and practices*, 5<sup>th</sup> Edition, Prentice-Hall, New Jersey.
- Hausman, J.F., Kevers, C., Evers, D., Gaspar, T., 1997. Conversion of putrescine to  $\gamma$ -aminobutyric acid, an essential pathway for root formation by poplar shoots *in vitro*, in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 133-139.
- Husen, A., Pal, M., 2007. Metabolic changes during adventitious root primordium development in *Tectona grandis* Linn. F. (teak) cuttings as affected by age of donor plants and auxin (IBA and NAA) treatment. *New Forests* 33, 309-323.
- Hwang, S., Lee, C.H., Ahn, I.S., 2008. Product identification of guaiacol oxidation catalyzed by manganese peroxidase. *Journal of Industrial and Engineering Chemistry* 14, 487-492.
- Lavee, S., Avidan, N., Pierik, R.L.M., 1994. Chlorogenic acid - an independent morphogenesis regulator or a cofactor. *Acta Horticulturae* 381, 405-412.
- Loach, K., Whalley, D.N., 1978. Water and carbohydrate relationships during the rooting of cuttings. *Acta Horticulturae* 79, 161-168.

- Megre, D., Dokane, K., Kondratovics, U., 2011. Can changes in starch content and peroxidase activity be used as rooting phase markers for *Rhododendron* leaf bud cuttings? *Acta Biologica Cracoviensia* 53(1), 74-79.
- Naija, S., Elloumi, N., Ammar, S., Kevers, C., Dommès, J., 2009. Involvement of polyamines in the adventitious rooting of micropropagated shoots of the apple rootstock 'MM106'. *In Vitro Cell and Developmental Biology-Plant* 45, 83-91.
- Nanda, K.K., Jain, M.K., Malhotra, S., 1971. Effect of glucose and auxins in rooting etiolated stem segments of *Populus nigra*. *Physiologia Plantarum* 24, 387-391.
- Osterc, G., Štefančič, M., Solar, A., Štampar, F., 2007. Potential involvement of flavonoids in the rooting response of chestnut hybrid (*Castanea crenata* x *Castanea sativa*) clones. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 47, 96-102.
- Osterc, G., Štefančič, M., Solar, A., Štampar, F., 2008. Phenolic content in cuttings of two clones of hybrid chestnut (*Castanea crenata* x *Castanea sativa*) in the first days after cutting severance. *Acta Agriculturae Scandinavica Section B-Soil and Plant Science* 58,162-168.
- Patel, D., Thaker, V., 2007. Role of cell wall stiffening enzymes in internode development of *Merremia emarginata*. *General and Applied Plant Physiology* 33(1-2), 25-39.
- Ragonezi, C., Klimaszewska, K., Castro, M.R., Lima, M., de Oliveira, P., Zavattieri, M.A., 2010. Adventitious rooting of conifers: influence of physical and chemical factors. *Trees* 24, 975-992.
- Rugini, E., Politi, V., Bignami, C., De Agazio, M., Grego, S., 1990. Effect of polyamine treatments on rooting cutting of three olive cultivars. *Acta Horticulturae* 286, 97-100.
- Rugini, E., Luppino, M., De Agazio, M., Grego, S., 1991. Endogenous polyamine and root morphogenesis variations under different treatments in cuttings and in vitro explants of olive. *Acta Horticulturae* 300, 225-232.
- Rugini, E., Jacoboni, A., Luppino, M., 1993. Role of basal shoot darkening and exogenous putrescine treatments on *in vitro* rooting and on endogenous polyamine changes in difficult-to-root woody species. *Scientia Horticulturae* 53, 63-72.
- Rugini, E., Di Francesco, G., Muganu, M., Astolfi, S., Caricato, G., 1997. The effects of polyamines and hydrogen peroxide on root formation in olive and the role of

- polyamines as an early marker for rooting ability. in: Altman, A., Waisel, Y. (Eds), *Biology of root formation and development*. Plenum Press, New York, pp. 65-73.
- Sankhla, N., Upadhyaya, A., 1989. Polyamines and adventitious root formation, in: Davis, T.D., Haissig, B.E., Sankhla, N. (Eds), *Adventitious root formation in cuttings*. Dioscorides Press, Portland, OR, pp. 70-78.
- Sebastiani, L., Tognetti, R., 2004. Growing season and hydrogen peroxide effects on root induction and development *Olea europaea* L. (cvs 'Frantoio' and 'Gentile di Larino') cuttings. *Scientia Horticulturae* 100, 75-82.
- Swamy, S.L., Puri, S., Singh, A.K., 2002. Effect of auxins (IBA and NAA) and season on rooting of juvenile and mature hardwood cuttings of *Robinia pseudoacacia* and *Grewia optiva*. *New Forests* 23, 143-157.
- Tang, W., Newton, R.J., 2005. Polyamines promote root elongation and growth by increasing root cell division in regenerated Virginia pine (*Pinus virginiana* Mill.) plantlets. *Plant Cell Reports* 24, 581-589.
- Trobec, M., Stampar, F., Veberic, R., Osterc, G., 2005. Fluctuations of different endogenous phenolic compounds and cinnamic acid in the first days of the rooting process of cherry rootstock 'GiSela 5' leafy cuttings. *Journal of Plant Physiology* 162, 589-597.
- Tiburcio, A.F., Gendy, C.A., Van, K.T.T., 1989. Morphogenesis in tobacco subepidermal cells: Putrescine as marker of root differentiation. *Plant Cell Tissue Organ Culture* 19, 43-54.
- Usta, S.S., 1999. The research on rooting ability of olive cuttings (*Olea europaea* L. cv. Domat). Proc. 3<sup>rd</sup> Int. ISHS Symp. on Olive Growing, *Acta Horticulturae* 474, 63-66.
- Veierskov, B., 1989. Relations between carbohydrates and adventitious root formation, in: Davis, T.D, Haissig, B.E., Sankhla, N. (Eds), *Adventitious root formation in cuttings*. Dioscorides Press, Portland, OR, pp. 70-78.
- Wiesman, Z., Epstein, E., 1987. Metabolism and transport of 5-H-Indole-3-butyric acid in cuttings of olive. *Olea* 18, 29-33.
- Wiesman Z., Lavee, S., 1995. Relationship of carbohydrate sources and indole-3-butyric acid in olive cuttings. *Australian Journal of Plant Physiology* 22, 811-816.
- Yadav, R.S.S., Yadav, K.S., Yadav, H.S., 2011. *Luffa aegyptiaca* (gourd) fruit juice as a source of peroxidase. *Enzyme Research* 2011, 1-5.

Yoo, Y.K., Kim, K.S., 1996. Seasonal variation in rooting ability, plant hormones, carbohydrate, nitrogen, starch and soluble sugar contents in cuttings of White Forsythia (*Abeliophyllum distichum* Nakai). Journal of Korean Society for Horticultural Science 37(4), 554-560.

Zilkah, S., Zamiri, N., Ziv, M., 2006. Putrescine and hydrogen peroxide improve the rooting of 'GF-677' rootstock in woody cuttings and tissue culture shoots. Acta Horticulturae 713, 331-337.

# **Μέρος Τέταρτο**

**Ανατομική και μοριακή θεώρηση της  
ριζοβολίας των φυλλοφόρων  
μοσχευμάτων ελιάς**





# 1

## Ανατομική θεώρηση της ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς

### Περίληψη

Στο παρόν κεφάλαιο μελετήθηκαν οι ανατομικές διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών ελιάς και προσδιορίστηκαν τα σημεία έναρξης της ριζοβολίας με τη χρήση του οπτικού μικροσκοπίου. Οι παρατηρήσεις έδειξαν ότι κάτω από τον τελευταίο κόμβο και πλησίον της τομής της βάσης του μοσχεύματος υπήρξε έντονη αποδιαφοροποίηση των κυττάρων του φλοιώδους παρεγχύματος που οδήγησε στην καλλογένεση και την ανάπτυξη των ριζικών καταβολών ή απευθείας στην ανάπτυξη των ριζικών τριχιδίων. Γενικά, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν μεγαλύτερη τάση να σχηματίζουν κάλλο σε σχέση με αυτά της ποικιλίας ‘Arbequina’, χωρίς όμως να συνοδεύεται πάντα από ριζογένεση. Αντίθετα, στην ποικιλία ‘Arbequina’ αρκετά μοσχεύματα ριζοβόλησαν απευθείας χωρίς να μεσολαβήσει το στάδιο σχηματισμού κάλλου. Επίσης, μεταξύ των δύο ποικιλιών βρέθηκαν ορισμένες ανατομικές διαφορές. Συγκεκριμένα, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ ο σκληροεγχυματικός δακτύλιος είχε σε αρκετά σημεία κενά όπως και το φλοιώδες παρέγχυμα. Αντίθετα, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ είχαν συνεχή σκληροεγχυματικό δακτύλιο και το φλοιώδες παρέγχυμα ήταν συμπαγές. Επίσης, οι ανατομικές παρατηρήσεις στις βάσεις των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ έδειξαν ότι και στις δύο ποικιλίες η θέση έναρξης σχηματισμού του ριζικού αρχηγόνου ήταν από κύτταρα του καμβίου. Συμπεραίνεται ότι η ριζογένεση στην ποικιλία ‘Καλαμών’ καθορίζεται ίσως γενετικά και εξαρτάται κυρίως από φυσιολογικούς και βιοχημικούς παράγοντες. Πρόσθετα όμως, η ανατομία των βλαστών της μπορεί να επηρεάζει αρνητικά τη ριζοβολία της. Ειδικότερα, η ύπαρξη συνεχούς σκληροεγχυματικού δακτύλιου και το συμπαγές φλοιώδες παρέγχυμα μπορεί να δυσχεραίνουν την απορρόφηση της αυξίνης και επομένως τη δράση της στο σχηματισμό των ριζικών καταβολών.



## 1. Εισαγωγή

Όπως αναπτύχθηκε και στα προηγούμενα κεφάλαια απαραίτητη προϋπόθεση για τον επιτυχή πολλαπλασιασμό με μοσχεύματα είναι ο σχηματισμός τυχαίων ριζών. Στα περισσότερα φυτά οι ρίζες που σχηματίζονται είναι τυχαίες και ως δομές είναι παρόμοιες με τα άνθη (Fabbri et al., 2004). Έτσι όλες οι πλάγιες ρίζες που αναπτύσσονται κατά μήκος της κύριας ρίζας, είναι τυχαίες και προέρχονται από τη διαφοροποίηση του περικυκλίου της ρίζας (Hartmann et al., 2001). Οι τυχαίες ρίζες που σχηματίζονται στα μοσχεύματα είναι δύο τύπων: προσχηματισμένες ρίζες και ρίζες που σχηματίζονται μετά από τραυματισμό (Hartmann et al., 2001; Fabbri et al., 2004). Σε αρκετά είδη φυτών υπάρχουν προσχηματισμένα ριζικά αρχέγονα, τα οποία όμως μένουν ανενεργά για πολλά χρόνια χωρίς να εξελίσσονται. Αν όμως το όργανο στο οποίο βρίσκονται αυτά τα ριζικά αρχέγονα αποκοπεί από το μητρικό φυτό και οι περιβαλλοντικές συνθήκες είναι ευνοϊκές, ξεκινάει η ανάπτυξή τους και ο σχηματισμός ριζών. Στα είδη στα οποία δεν έχουμε προσχηματισμένα ριζικά αρχέγονα μετά την αποκοπή τους από το μητρικό φυτό συμβαίνουν διάφορες διεργασίες, οι οποίες αποτελούν μια πρώτη αντίδραση στον προκαλούμενο τραυματισμό που στόχο έχει την απομόνωση του οργάνου από το περιβάλλον ώστε να αποφευχθεί η απώλεια νερού που με τη σειρά της θα οδηγήσει στην αφυδάτωση και το θάνατο (Hartmann et al., 2001; Agulló-Antón et al., 2013).

Η αντίδραση στον τραυματισμό περιλαμβάνει τρία στάδια κατά τους Fabbri et al. (2004): α) τα εξωτερικά τραυματισμένα κύτταρα που έρχονται σε επαφή με την ατμόσφαιρα νεκρώνονται, σχηματίζεται μια νεκρωτική ζώνη από ένα φελλώδες στρώμα σουμπερίνης και στο ξύλο έχουμε τη δημιουργία τηλώσεων, διαδικασίες που έχουν ως στόχο να προστατευτεί ο τραυματισμένος ιστός από την αφυδάτωση και την είσοδο διαφόρων παθογόνων, β) τα ζωντανά κύτταρα που ανήκουν στους διάφορους ιστούς που βρίσκονται βαθύτερα κάτω από την επιφάνεια κοπής αρχίζουν να διαιρούνται μέσα στις επόμενες δύο εβδομάδες σχηματίζοντας στρώσεις από εξειδικευμένα παρεγχυματικά κύτταρα κάλλου που αναπτύσσονται σε περίδερμα από τραυματισμό και τα οποία συνιστούν ένα είδος προστασίας στο κάτω άκρο του σημείου κοπής. Η ολοκλήρωση της παραπάνω διαδικασίας υποδεικνύεται από τη διόγκωση της βάσεως του μοσχεύματος η οποία καλύπτεται εντελώς από κάλλο, ενώ η επιδερμίδα παίρνει πιο ανοιχτό χρώμα και εμφανίζει περιστασιακές ρωγμές. Ωστόσο, η μεγάλη απώλεια νερού μπορεί να έχει ως άμεση συνέπεια την πτώση των φύλλων,

γεγονός που μπορεί να επηρεάσει αρνητικά την επιβίωση του μοσχεύματος και γ) ορισμένα κύτταρα που βρίσκονται γύρω από την περιοχή του καμβίου και του ηθμού αρχίζουν να διαιρούνται και στη συνέχεια ξεκινάει ο σχηματισμός των τυχαίων ριζών.

Ωστόσο, η επιτυχία της ριζοβολίας βασίζεται κυρίως στην αποδιαφοροποίηση των κυττάρων που με τη σειρά της θα οδηγήσει στο σχηματισμό των ριζικών καταβολών (Biricolti et al., 1994; Amissah et al., 2008). Εκτεταμένη έρευνα έχει γίνει γύρω από τη φύση και τη θέση των πρώτων κυττάρων. Η έρευνα έχει δείξει ότι τα μεριστωματικά κύτταρα αρχίζουν να διαιρούνται σχηματίζοντας μάζες διαφοροποιημένων κυττάρων που ονομάζονται ριζικά αρχέγονα (Jasik και De Klerk, 1997; Amissah et al., 2008). Στην αρχή δεν διαφοροποιούνται σε εξειδικευμένα κύτταρα (Agulló-Antón et al., 2013), αλλά μάλλον συνεχίζουν τη διαίρεσή τους μέχρι το μέγεθος του ριζικού αρχεγόνου να είναι τέτοιο ώστε να διαπεράσει τα εξωτερικά στρώματα των κυττάρων που συνήθως είναι κύτταρα του σκληροεγγυματικού δακτυλίου και του φλοιού. Τα κύτταρα αυτά έχουν κωνικό σχήμα με τη βάση προς τον κεντρικό κύλινδρο και ονομάζονται ριζικές καταβολές (Fabbri et al., 2004).

Μια πρώτη ένδειξη ότι το ριζικό αρχέγονο θα εξελιχθεί σε ριζική καταβολή και εν τέλει σε ρίζα είναι το γεγονός ότι τα κύτταρα κάτω από την κορυφή, όταν το άκρο της αγγειακής μάζας βρίσκεται ακόμα κάτω από τον φλοιό, διαιρούνται χωρίς ωστόσο να διαφοροποιούνται (Jasik και De Klerk, 1997). Τα κύτταρα αυτά παραμένουν στην ίδια φυσιολογική κατάσταση για αρκετό διάστημα και τελικά φτιάχνουν τον αγγειακό ιστό που θα συνδέσει το ριζίδιο με το αγγειακό σύστημα του μοσχεύματος. Το ριζικό αρχέγονο συνεχίζει να αυξάνεται προς τα έξω. Τα κύτταρα που βρίσκονται παραπλεύρως σχηματίζουν μια σφαιρική μάζα γύρω από την κορυφή του αρχεγόνου και στην άκρη σχηματίζεται μια καλύπτρα που καθιστά δυνατή την ώθηση των εξωτερικών ιστών ώστε να επιτραπεί η εμφάνιση του ριζιδίου (Fabbri et al., 2004). Παράλληλα, τα κύτταρα του αρχεγόνου συνεχίζουν να αυξάνονται και να διαφοροποιούνται στους διάφορους ιστούς της ρίζας. Απαιτούνται περί τα 1500 κύτταρα για να μπορέσουμε θεωρητικά να πούμε ότι έχουμε σχηματισμένη μια ριζική καταβολή (Jasik και De Klerk, 1997). Βέβαια, τη στιγμή που εμφανίζεται το ριζίδιο στο μόσχευμα, αυτό είναι καλά οργανωμένο και έχουν γίνει όλες οι απαραίτητες αγγειακές συνδέσεις μεταξύ αυτού και του κεντρικού κυλίνδρου του μοσχεύματος (Agulló-Antón et al., 2013). Ωστόσο, το ριζίδιο δεν είναι ακόμη λειτουργικό, δηλαδή δεν είναι ακόμη σε θέση να απορροφήσει νερό από το υπόστρωμα (Fabbri et al., 2004).

Τα τελευταία στάδια πριν την εμφάνιση των ριζιδίων στο μόσχευμα με ορισμένες βέβαια παραλλαγές είναι παρόμοιες σχεδόν σε όλα τα φυτά, σε αντίθεση με τα αρχικά στάδια τα οποία μπορεί να διαφέρουν από είδος σε είδος. Ωστόσο, υπάρχουν σημαντικές διαφορές μεταξύ των διαφόρων ειδών αλλά και μεταξύ ενήλικων και νεανικών μοσχευμάτων του ίδιου είδους, όσον αφορά το σημείο έναρξης σχηματισμού του ριζικού αρχεγόνου καθώς και τις διαδικασίες που οδηγούν στο σχηματισμό αυτού (Hartmann et al., 2001).

Στόχος της εργασίας στο παρόν κεφάλαιο ήταν: α) η μελέτη της ανατομίας της βάσης των μοσχευμάτων των δύο ποικιλιών ελιάς ('Arbequina' και 'Καλαμών') στις διάφορες περιόδους και κατά πόσο αυτή μπορεί να επηρεάζει τη ριζοβολία των μοσχευμάτων, β) να προσδιορίσουμε τις θέσεις έναρξης σχηματισμού των ριζικών καταβολών στις βάσεις των μοσχευμάτων των δύο ποικιλιών ελιάς.

## **2. Υλικά και Μέθοδοι**

### **2.1 Φυτικό υλικό και δειγματοληψία**

Για όλες τις παρατηρήσεις ως πηγή φυτικού υλικού αποτέλεσαν τα φυλλοφόρα μοσχεύματα των ποικιλιών 'Arbequina' και 'Καλαμών' τα οποία ελήφθησαν από τα φυτώρια Κωστελένου στον Πόρο Τροιζηνίας. Η δειγματοληψία των μοσχευμάτων έγινε σε τρεις περιόδους καλοκαίρι, φθινόπωρο και άνοιξη, στην αρχή της ριζοβολίας (0 ημέρες) και 30 ημέρες μετά τη φύτευση στη μονάδα της υδρονέφωσης. Κατά τη δειγματοληψία λαμβάνονταν 10 ολόκληρα μοσχεύματα και τοποθετούνταν μέσα σε πλαστικά μπουκαλάκια (falcon των 50 mL) που περιείχαν μονιμοποιητικό διάλυμα FAA (Formalin - Acetic Acid - Alcohol). Στη συνέχεια τα δείγματα μεταφέρθηκαν στο Εργαστήριο Ηλεκτρονικής Μικροσκοπίας του ΓΠΑ όπου διενεργήθηκαν οι ανατομικές παρατηρήσεις.

### **2.2 Ανατομικές παρατηρήσεις**

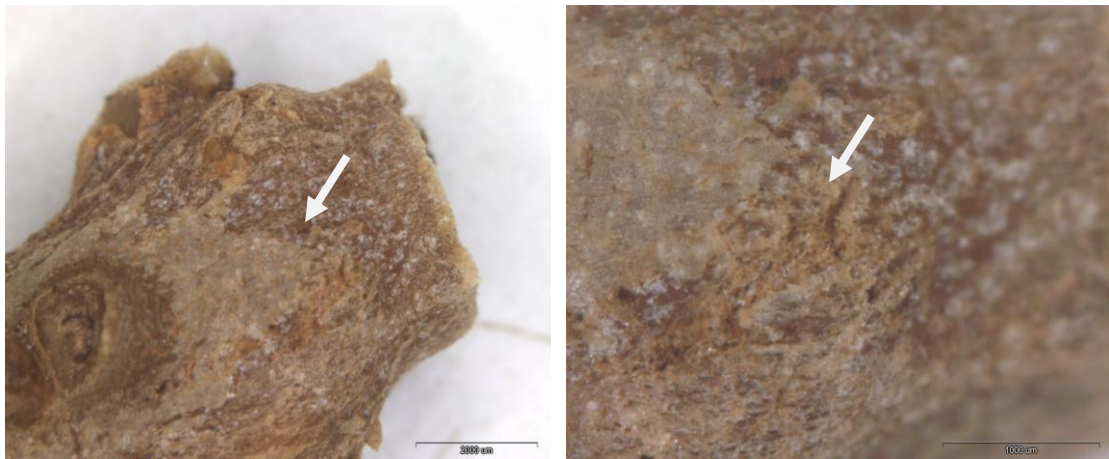
Οι βάσεις των μοσχευμάτων των διαφόρων δειγμάτων αρχικά παρατηρήθηκαν στο στερεοσκόπιο τύπου OLYMPUS SZX12. Στη συνέχεια έγιναν τομές πάχους 60 μm στις βάσεις των μοσχευμάτων με τον ψυκτικό μικροτόμο (κρυοστάτη) τύπου Leica CM1850 σε θερμοκρασία -18 °C με χρήση υγρού ψύξης – έγκλεισης Jung Tissue Freezing Medium (Leica Microsystems Nussloch GmbH, Germany).

Οι τομές τοποθετήθηκαν σε λίγες σταγόνες νερού σε αντικειμενοφόρο πλάκα και ακολούθησε άμεση παρατήρηση στο οπτικό μικροσκόπιο τύπου Olympus BX40 εξοπλισμένο με τα κατάλληλα συστήματα για παρατηρήσεις σε φωτεινό ή σκοτεινό πεδίο, αντίθεσης φάσης και φθορισμού. Για τη μικροσκοπία φθορισμού χρησιμοποιήθηκαν το φίλτρο διέγερσης BP 330-385 και το φίλτρο εκπομπής BA 420. Τέλος, έγινε ψηφιακή φωτογράφιση των παρασκευασμάτων από το στερεοσκόπιο και από το οπτικό μικροσκόπιο με τη χρήση ψηφιακής κάμερας DP71, Olympus 12.5Mp, Japan.

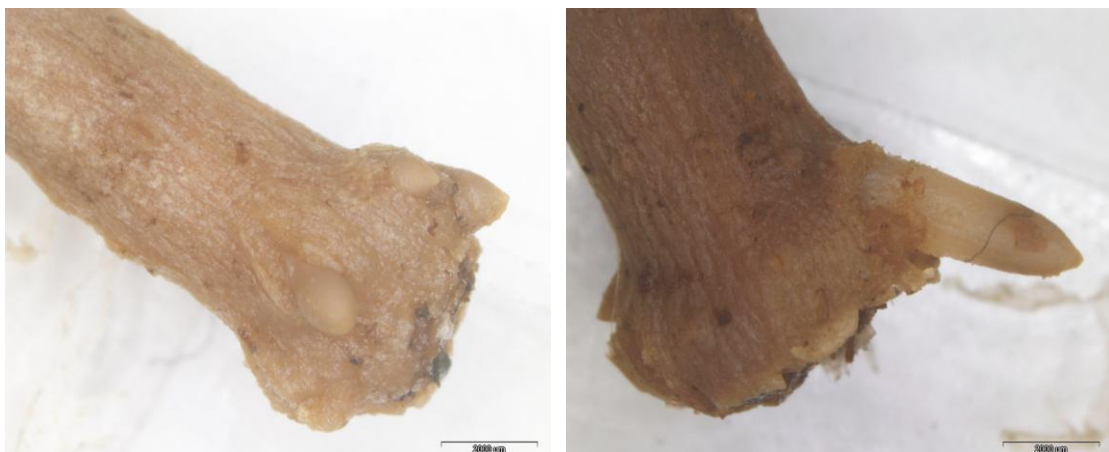
### 3. Αποτελέσματα

#### 3.1. Παρατηρήσεις στο στερεοσκόπιο

Οι παρατηρήσεις των βάσεων των μοσχευμάτων στο στερεοσκόπιο έδειξαν ότι τόσο η ρίζα όσο και ο κάλλος σχηματίζονται λίγα χιλιοστά πάνω από το σημείο κοπή-τραυματισμού της βάσης, δηλαδή κάτω από τον τελευταίο κόμβο πλησίον της τομής της βάσης του μοσχεύματος. Επίσης παρατηρήθηκε ότι πριν ο κάλλος είναι ορατός εξωτερικά, η βάση των μοσχευμάτων διογκώνεται και εμφανίζονται σχισμές στα κύτταρα της επιδερμίδας του βλαστού.



**Εικόνα 13.** Βάση μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ με σχηματισμό κάλλου σε αρχικό στάδιο.



**Εικόνα 14.** Σχηματισμός ρίζας σε μόσχευμα της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και σε μόσχευμα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά).



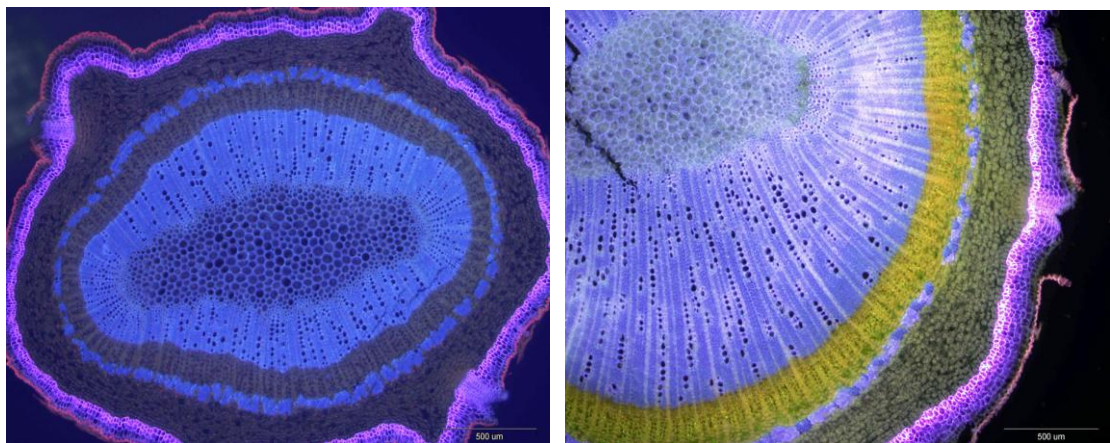
### 3.2. Παρατηρήσεις στο οπτικό μικροσκόπιο

#### 3.2.1 Σύγκριση ποικιλιών στις διάφορες πειραματικές περιόδους

Οι παρατηρήσεις στις βάσεις των μοσχευμάτων έδειξε ότι υπήρχαν ανατομικές διαφορές μεταξύ των δύο ποικιλιών στην αρχή της ριζοβολίας κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (καλοκαίρι, φθινόπωρο και άνοιξη) (Εικόνες 15, 16 και 17). Γενικά, παρατηρούμε ότι η βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ήταν πιο κυκλική σε σχέση με της ποικιλίας ‘Arbequina’. Πιο αναλυτικά, η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι ο σκληρογυματικός δακτύλιος στην ποικιλία ‘Καλαμών’ ήταν συνεχής σε σχέση με της ποικιλίας ‘Arbequina’ που κατά διαστήματα εμφάνιζε μεγάλα κενά (Εικόνες 18, 19 και 20). Επίσης στο φλοιώδες παρέγχυμα παρατηρούνται μεγάλοι μεσοκυττάριοι χώροι (δηλαδή μεγαλύτερα και περισσότερα κενά μεταξύ των κυττάρων) στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ σε σχέση με της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (Εικόνες 21, 22 και 23).

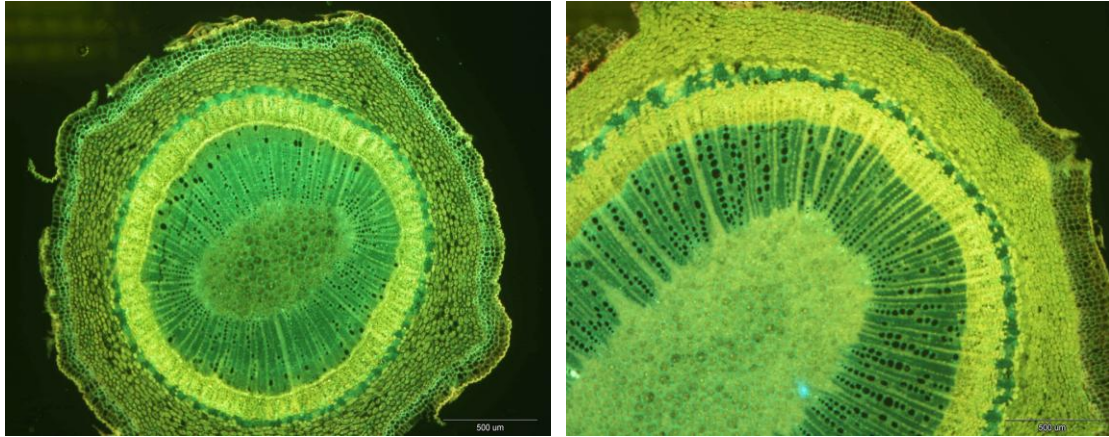


**Εικόνα 15.** Εγκάρσια τομή βάσης μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά) την περίοδο του καλοκαιριού.

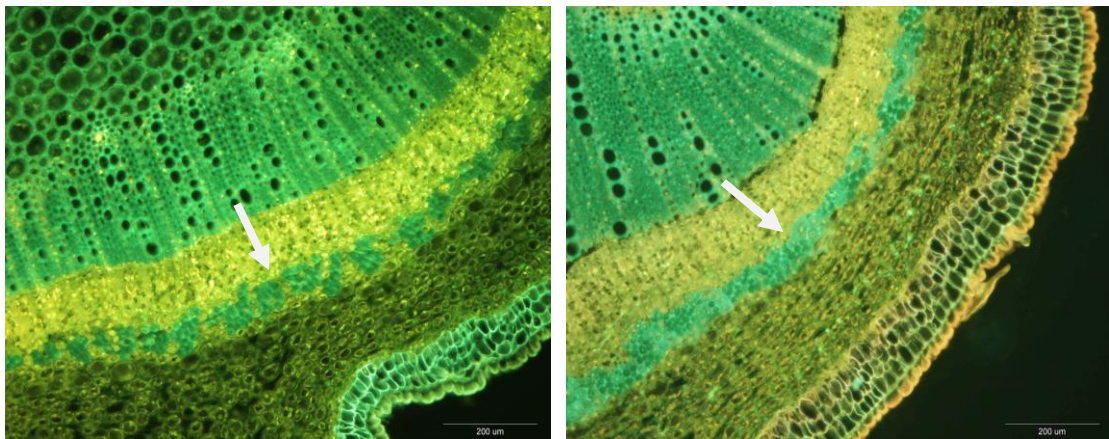


**Εικόνα 16.** Εγκάρσια τομή βάσης μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά) την περίοδο του φθινοπώρου.

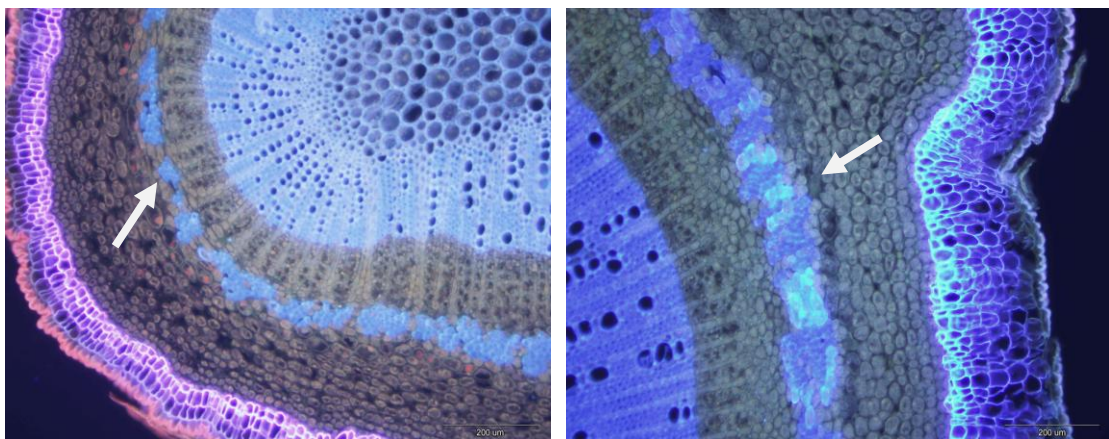




**Εικόνα 17.** Εγκάρσια τομή βάσης μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά) την περίοδο της ανοίξεως.

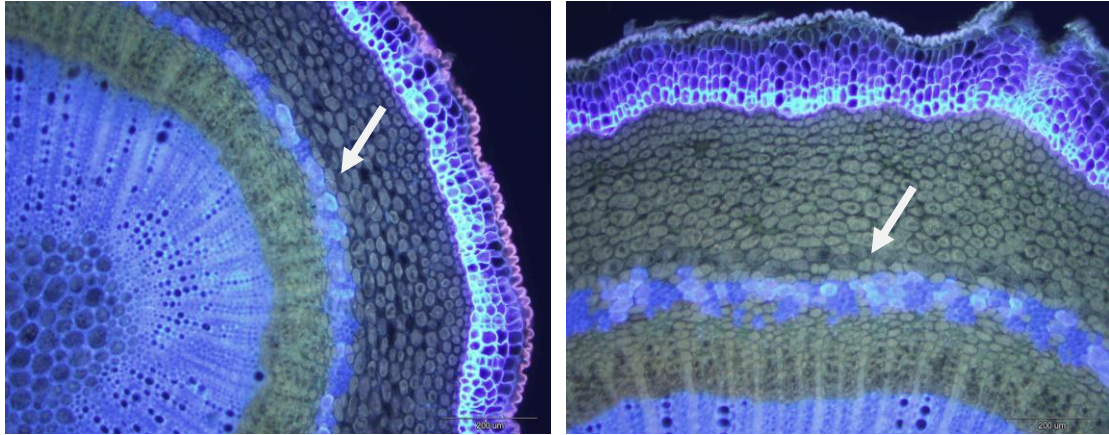


**Εικόνα 18.** Σκληροεγχυματικός δακτύλιος στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά) την περίοδο του καλοκαιριού.

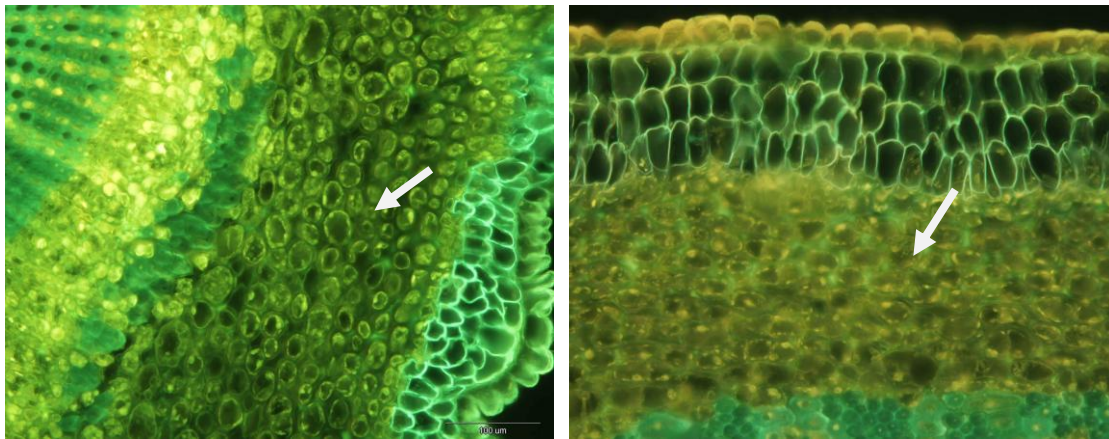


**Εικόνα 19.** Σκληροεγχυματικός δακτύλιος στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά) την περίοδο του φθινοπώρου.

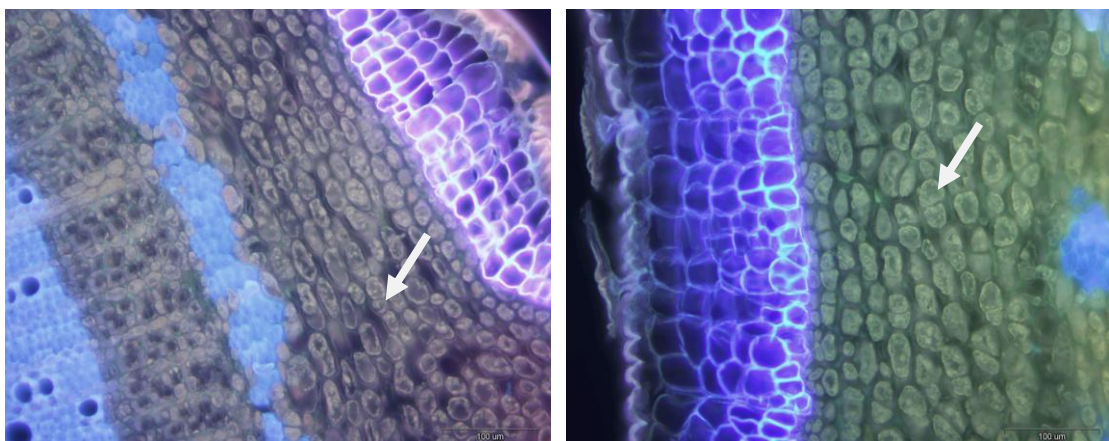




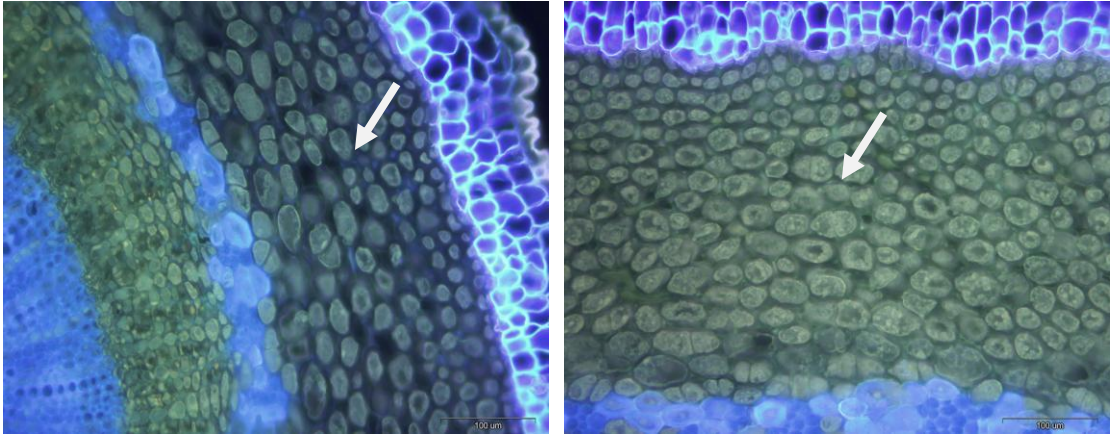
**Εικόνα 20.** Σκληροεγγυματικός δακτύλιος στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας 'Arbequina' (αριστερά) και της ποικιλίας 'Καλαμών' (δεξιά) την περίοδο της ανοίξεως.



**Εικόνα 21.** Φλοιώδες παρέγχυμα στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας 'Arbequina' (αριστερά) και της ποικιλίας 'Καλαμών' (δεξιά) την περίοδο του καλοκαιριού.



**Εικόνα 22.** Φλοιώδες παρέγχυμα στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας 'Arbequina' (αριστερά) και της ποικιλίας 'Καλαμών' (δεξιά) την περίοδο του φθινοπώρου.

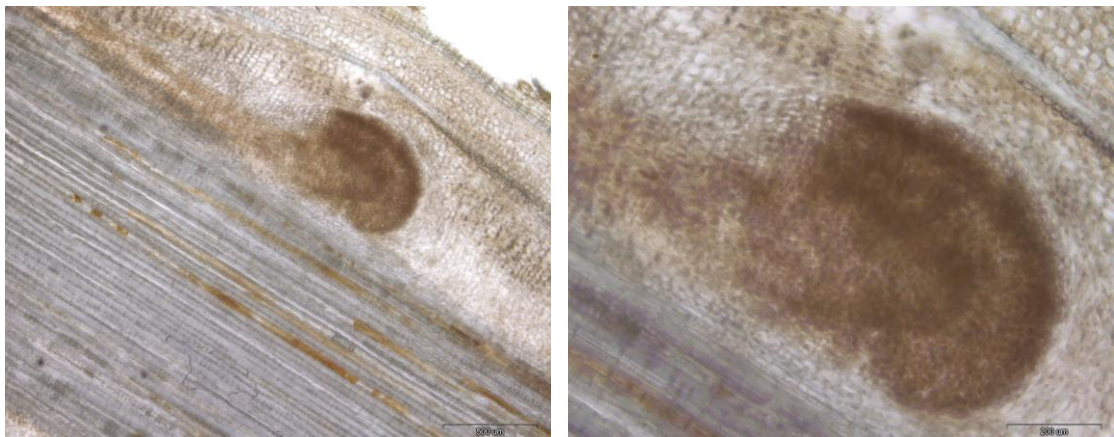


**Εικόνα 23.** Φλοιώδες παρέγχυμα στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά) την περίοδο της ανοίξεως.

### 3.2.2 Ανατομικές αλλαγές κατά τη ριζογένεση

#### A. Ποικιλία ‘Arbequina’

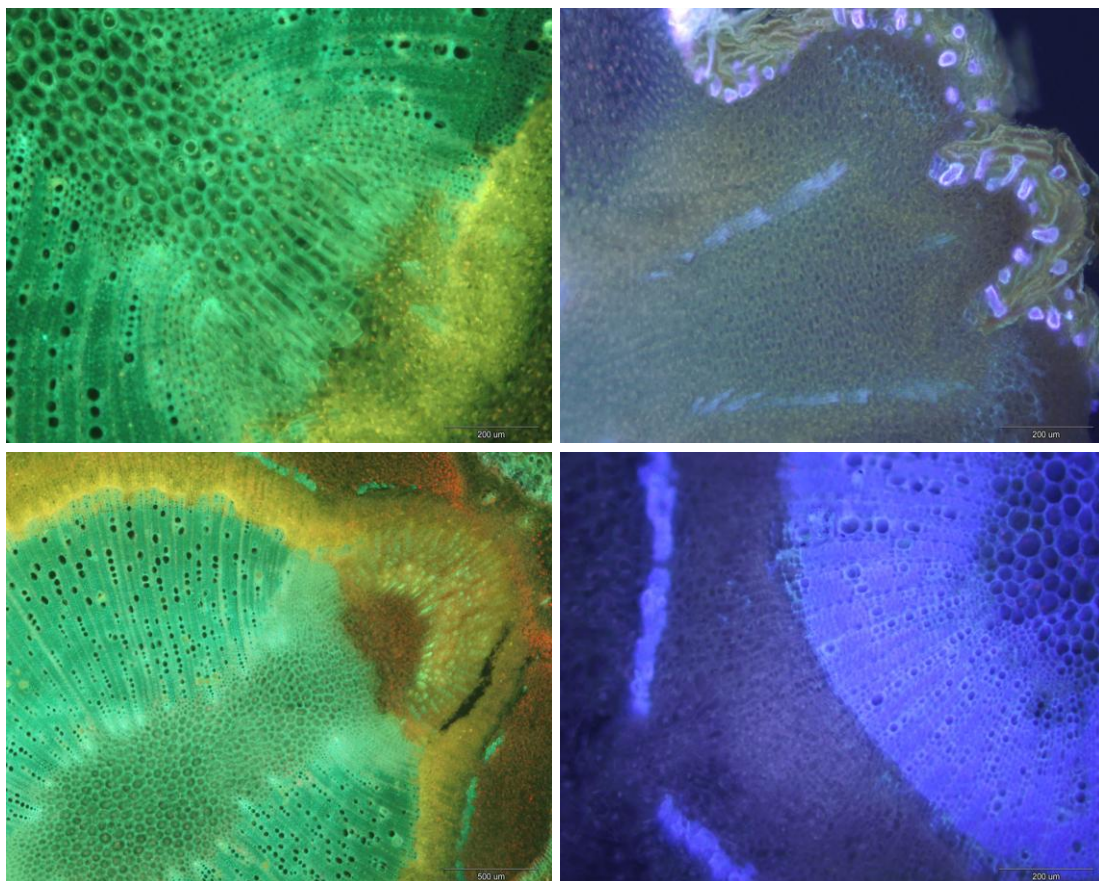
Στην ποικιλία ‘Arbequina’ παρατηρούμε ότι η ζώνη ριζοβολίας των μοσχευμάτων ξεκινάει από την περιοχή του καμβίου και δημιουργεί μερίστωμα μέσα στο αποθηκευτικό παρέγχυμα (Εικόνα 24). Δηλαδή, βλέπουμε ότι τα κύτταρα του καμβίου και αυτά που βρίσκονται πλησίον αυτού έχουν ξεκινήσει να διαιρούνται για να οργανωθούν σε ριζικό αρχέγονο. Σε αυτό το αρχικό στάδιο δεν παρατηρείται κάποια οργάνωση ιστών, αλλά τα αρχικά κύτταρα τα οποία έχουν οργανωθεί σε μάζα μεριστωματικού ιστού και έχουν αρχίσει να διαφοροποιούνται. Επομένως, θεωρούμε ότι σε αυτό το στάδιο έχουμε την εμφάνιση του ριζικού αρχεγόνου, το οποίο στη συνέχεια θα εξελιχθεί σε ριζική καταβολή.



**Εικόνα 24.** Επιμήκης τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ όπου παρατηρούμε το μεριστωματικό σχηματισμό που θα αποτελέσει το ριζικό αρχέγονο.



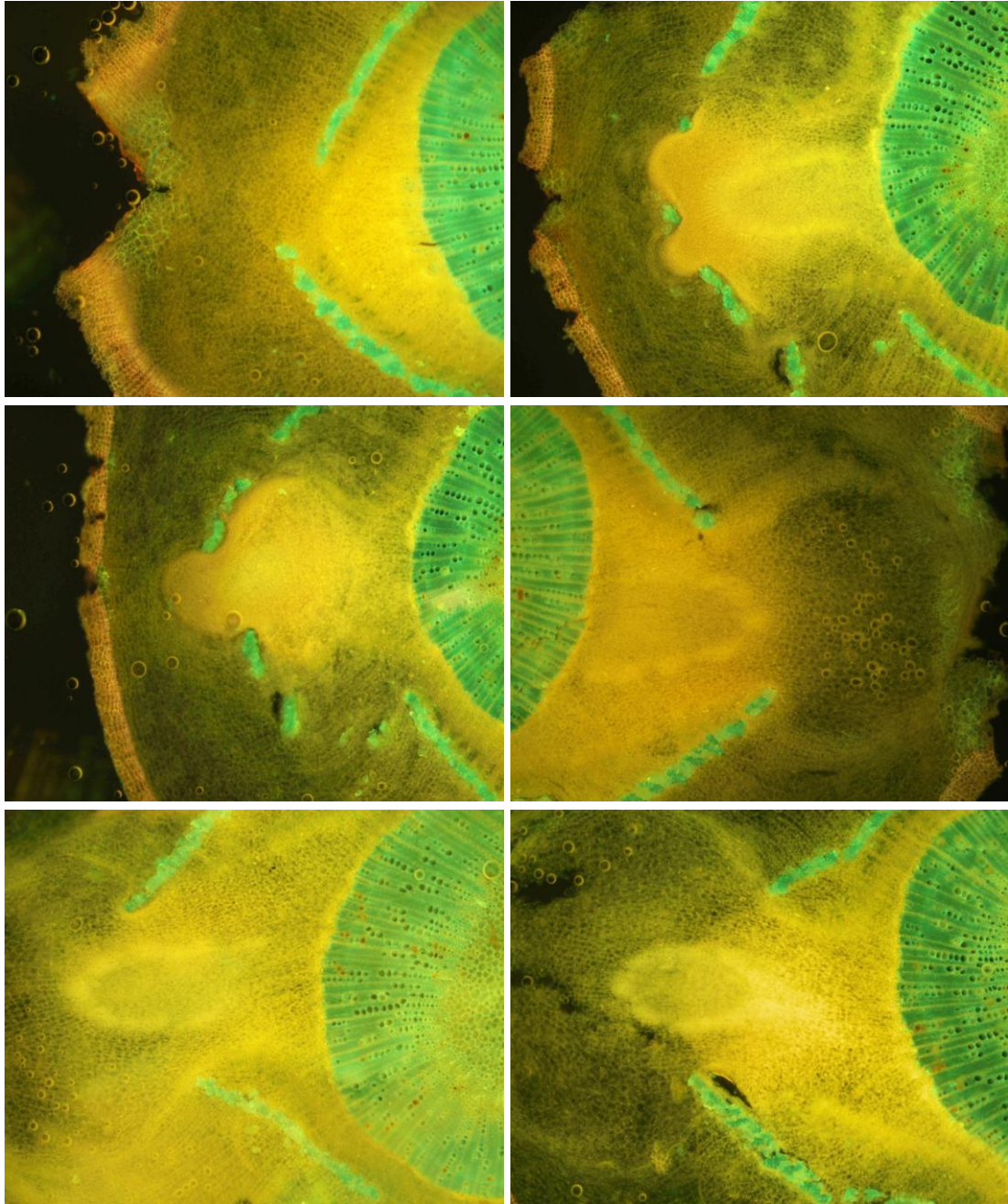
Στην εικόνα 25 παρατηρούμε έντονη διαφοροποίηση των κυττάρων της βάσης των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Arbequina' τα οποία ασκούν πίεση και 'σπάζουν' σε διάφορα σημεία το σκληροεγχυματικό δακτύλιο.



**Εικόνα 25.** Εγκάρσια τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας 'Arbequina' όπου παρατηρούμε τα διαφοροποιημένα κύτταρα (άνω) και το 'σπάσιμο' του σκληροεγχυματικού δακτυλίου (κάτω).

## Β. Ποικιλία ‘Καλαμών’

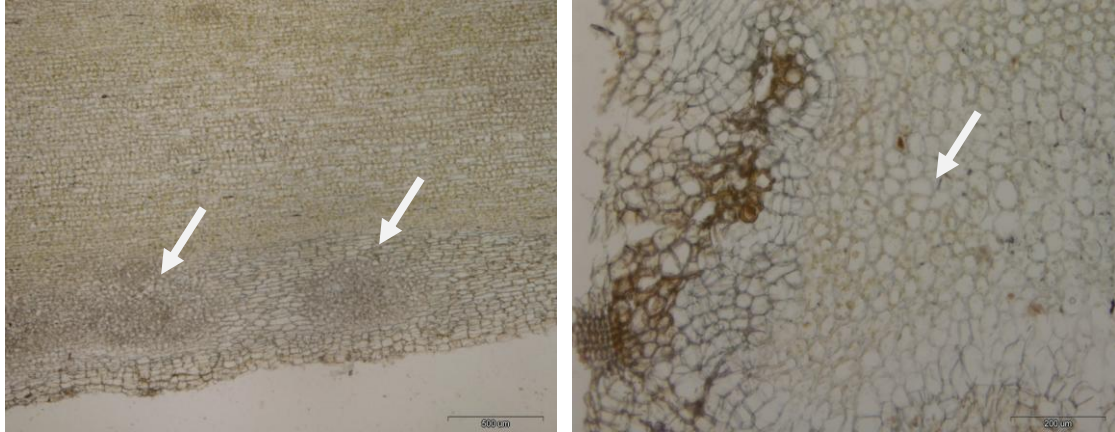
Όπως στην ποικιλία ‘Arbequina’ έτσι και στην ποικιλία ‘Καλαμών’ η ζώνη ριζοβολίας των μοσχευμάτων ξεκινάει από την περιοχή του καμβίου και δημιουργεί μερίστωμα μέσα στο αποθηκευτικό παρέγχυμα (Εικόνα 26). Επίσης, παρατηρούμε ότι το ριζικό αρχέγονο ασκεί πίεση και συνθλίβει το σκληροεγχυματικό δακτύλιο.



**Εικόνα 26.** Εγκάρσια τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Καλαμών’ όπου παρατηρούμε το σχηματισμό της ριζικής καταβολής και το σπάσιμο του σκληροεγχυματικού δακτυλίου σε διαφορετικό βάθος κοπής της τομής (Κλίμακα 500  $\mu\text{m}$ ).

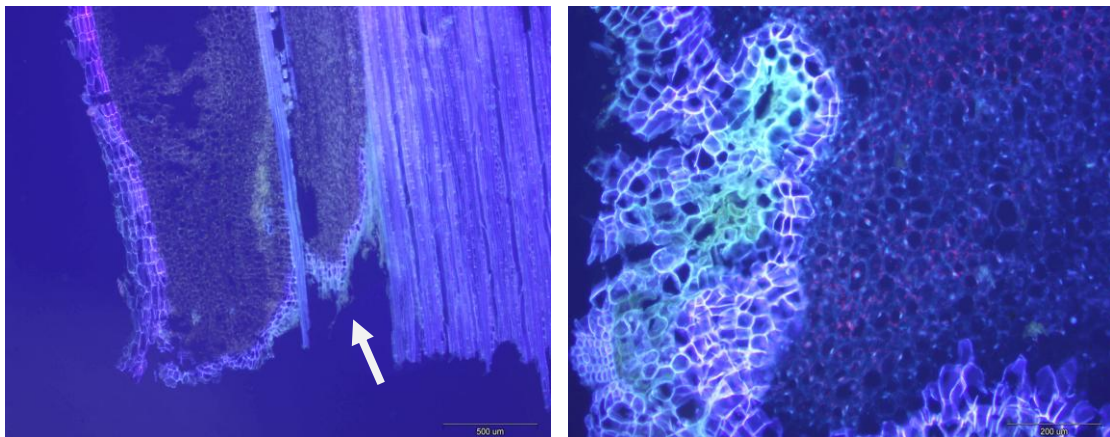


Επίσης, στην ποικιλία ‘Καλαμών’ παρατηρήθηκαν μοσχεύματα τα οποία είχαν σχηματίσει κάλλο αλλά δεν ριζοβόλησαν. Σε αυτές τις περιπτώσεις βλέπουμε έντονη διαφοροποίηση των κυττάρων (Εικόνα 27) που εξωτερικά του μοσχεύματος εκδηλώνεται με το σχηματισμό κάλλου.



**Εικόνα 27.** Επιμήκης τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Καλαμών’ με κάλλο όπου παρατηρούμε διαφοροποιημένα κύτταρα.

Τέλος, στο σημείο τραυματισμού της βάσης του μοσχεύματος παρατηρήθηκε η δημιουργία φελλού, ενώ εσωτερικά τα παρεγχυματικά κύτταρα είχαν ξεκινήσει να διαφοροποιούνται (Εικόνα 28).



**Εικόνα 28.** Επιμήκης τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Καλαμών’ όπου παρατηρούμε το σχηματισμό φελλού και διαφοροποιημένα κύτταρα στο σημείο τραυματισμού.

#### 4. Συζήτηση

Τα τελευταία χρόνια γνωρίζουμε αρκετά για το χειρισμό των μοσχευμάτων. Εν τούτοις η κινητήριος δύναμη που οδηγεί τα μοσχεύματα να ριζοβολήσουν παραμένει ακόμα άγνωστη. Είναι γνωστό ότι η ικανότητα ριζοβολίας ενός φυτού τις περισσότερες φορές παραμένει ανέκφραστη (Hartmann et al., 2001). Βέβαια υπάρχουν περιπτώσεις όπου δεν απαιτείται κανένας ιδιαίτερος χειρισμός για την ανάπτυξη των ριζών από τους βλαστούς του φυτού αφού αυτό συμβαίνει καθόσον οι βλαστοί αποτελούν ακόμα μέρος του μητρικού φυτού. Επομένως, ορισμένα φυτά ριζοβολούν εύκολα πιθανόν λόγω προσχηματισμένων ριζών, ενώ άλλα ριζοβολούν δύσκολα, πιθανόν γιατί υπολείπονται ή είναι ανενεργοί οι παράγοντες εκείνοι που προάγουν τη ριζοβολία ή υπάρχουν παράγοντες με παρεμποδιστική δράση της ριζοβολίας.

Με βάση τα παραπάνω μπορούμε να διαχωρίσουμε τα διάφορα είδη σε δύο κατηγορίες, σε αυτά με προσχηματισμένα ριζικά αρχέγονα και σε αυτά στα οποία δεν υπάρχουν αυτά τα αρχέγονα. Στα μοσχεύματα ελιάς δεν έχει αποδειχτεί η παρουσία προσχηματισμένων ριζικών αρχεγόνων, παρόλο που στο παλιό ξύλο απαντώνται λανθάνοντα μεριστώματα που υπό κατάλληλες συνθήκες θα μπορούσαν να μετατραπούν σε ρίζες (Fabbri et al., 2004). Επομένως, οι ρίζες που σχηματίστηκαν στα ημιξυλοποιημένα μοσχεύματα ελιάς στην παρούσα εργασία, ήταν ρίζες που έχουν προέλθει από τραυματισμό μετά την αποκοπή από το μητρικό φυτό. Εν τούτοις, πολλές φορές παρατηρείται στο σημείο τομής του μοσχεύματος ο σχηματισμός κάλλου, ο οποίος προηγείται της εμφάνισης της ρίζας. Σε αυτή την περίπτωση η ριζοβολία γίνεται δια μέσου του κάλλου (Biricolti et al., 1994). Ωστόσο, απαραίτητη προϋπόθεση για το σχηματισμό των ριζών είναι η δημιουργία ενός δικτύου τραχειίδων που εν τέλει θα αποτελέσει το αγγειακό σύστημα της ρίζας (Hartmann et al., 2001).

Επίσης, παρατηρούμε ότι και στις δύο ποικιλίες τα ριζικά τριχίδια όπως και ο κάλλος σχηματίστηκαν κάτω από τον τελευταίο κόμβο πλησίον της τομής της βάσης του μοσχεύματος (Εικόνες 13 και 14). Γενικά η συχνότητα σχηματισμού ριζικών καταβολών στα σημεία αυτά είναι μεγάλη, χωρίς ωστόσο να μπορούμε να προσδιορίσουμε τα ακριβή αίτια (Jasik και De Klerk, 1997). Επιπλέον, στο σημείο αυτό παρατηρήθηκε έντονη αποδιαφοροποίηση των κυττάρων του φλοιώδους παρεγχύματος που οδήγησε στο σχηματισμό κάλλου, πιθανόν λόγω του ερεθίσματος της εξωγενώς παρεχόμενης αυξίνης. Γενικά, τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' είχαν μεγαλύτερη τάση να σχηματίζουν κάλλο σε σχέση με αυτά της ποικιλίας



‘Arbequina’. Πέρα τούτου όμως, στα περισσότερα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, δεν παρατηρήθηκε η ανάπτυξη ριζικών τριχιδίων από τον κάλλο, γεγονός που επιβεβαιώνει ότι η παρουσία κάλλου δεν σημαίνει ότι συνοδεύεται πάντοτε από ριζογένεση. Αντίθετα, στην ποικιλία ‘Arbequina’ αρκετά μοσχεύματα ριζοβόλησαν απευθείας χωρίς να μεσολαβήσει το στάδιο σχηματισμού κάλλου. Αυτά τα αποτελέσματα επιβεβαιώνουν ότι ο σχηματισμός κάλλου είναι χαρακτηριστικό των δύσκολων προς ριζοβολία ποικιλιών ελιάς και κατ’ επέκταση φυτικών ειδών (Hartmann et al., 2001; Biricolti et al., 1994; Ayoud και Qrunfleh, 2008).

Πολλοί ερευνητές έχουν αποδώσει τη δυσκολία ριζοβολίας κάποιων ειδών στην ύπαρξη ανατομικών παραγόντων που θεωρούνται ως πιθανοί περιοριστικοί παράγοντες της ριζογένεσης. Περιορισμό στη ριζοβολία ενός μοσχεύματος μπορεί να προκαλέσει η παρουσία συνεχούς σκληρεγχυματικού ιστού περιφερειακά του περικυκλίου, καθώς και η παρουσία συμπαγούς φλοιώδους παρεγχύματος (Avidan και Lavee, 1978; Biricolti et al., 1994; Mousa, 2003; Amisshah et al., 2008; Agulló-Antón et al., 2013). Ειδικότερα, στα ξυλώδη φυτά πιστεύεται ότι η ύπαρξη συνεχούς σκληρεγχυματικού δακτυλίου αποτελεί εμπόδιο για την αύξηση των ριζικών καταβολών με άμεση συνέπεια την παρεμπόδιση της ριζοβολίας (Biricolti et al., 1994; Hartmann et al., 2001; Fabbri et al., 2004). Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ το φλοιώδες παρέγχυμα ήταν πιο πυκνό και ο σκληρεγχυματικός δακτύλιος συνεχής, σε αντίθεση με της ‘Arbequina’ όπου παρατηρήθηκαν κάποια κενά (Εικόνες 18, 19, 20, 21, 22 και 23). Την ίδια παρατήρηση έκαναν οι Qrunfleh et al. (1994) και οι Ayoud και Qrunfleh (2008) σε μοσχεύματα διαφόρων ποικιλιών ελιάς, καθώς και οι Avidan και Lavee (1978) σε μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’.

Πρόσθετα, τα δύο παραπάνω ανατομικά ‘εμπόδια’, πιθανόν να μειώνουν ή να δυσχεραίνουν την απορρόφηση και διακίνηση της εξωγενώς εφαρμοζόμενης αυξίνης στα βαθύτερα στρώματα στη βάση των μοσχευμάτων. Αυτό έχει ως αποτέλεσμα να μην φτάνει το ερέθισμα της αυξίνης να ενεργοποιήσει τα επιθυμητά κύτταρα που στόχο έχει την αποδιαφοροποίηση αυτών, που με τη σειρά της θα οδηγήσει στο σχηματισμό των ριζικών καταβολών (Biricolti et al., 1994; Amisshah et al., 2008). Συνεπώς, ο συνεχής σκληρεγχυματικός δακτύλιος σε συνδυασμό με το πιο συμπαγές φλοιώδες παρέγχυμα θα μπορούσε εν μέρει να εξηγήσει τα φτωχά ποσοστά ριζοβολίας της ‘Καλαμών’. Ωστόσο, όπως αναφέρουν και άλλοι ερευνητές έτσι και στην παρούσα εργασία παρατηρήθηκε ότι τα παραπάνω ‘εμπόδια’ μπορούν να συνθλιβούν, έστω και

δύσκολα, από την πίεση που ασκεί το αυξανόμενο αρχέγονο όταν αρχίσει να διαφοροποιείται (Avidan και Lavee, 1978; Biricolti et al., 1994; Amissah et al., 2008).

Μεγάλη έρευνα έχει πραγματοποιηθεί αναφορικά με τη φύση και τη θέση των ριζικών καταβολών. Διάφοροι ερευνητές έχουν δείξει ότι πρόκειται για κύτταρα του φλοιώδους παρεγχύματος, των εντερικών ακτίνων, του ξύλου, του καμβίου, της επιδερμίδας ακόμα και της εντεριώνης (Syros et al., 2004; Naija et al., 2008; AgullóAntón et al., 2013). Ωστόσο, οι ανατομικές παρατηρήσεις στην παρούσα εργασία στις βάσεις των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ έδειξαν ότι και για τις δύο ποικιλίες η θέση έναρξης σχηματισμού του ριζικού αρχεγόνου ήταν από κύτταρα του καμβίου (Εικόνες 24, 25, 26 και 27). Την ίδια παρατήρηση έκαναν οι Ayoud και Qrunfleh (2008) όταν μελέτησαν τη θέση έναρξης της ριζοβολίας σε ημιξυλοποιημένα μοσχεύματα των ποικιλιών ελιάς ‘Nabali’ και ‘Raseei’. Επίσης, τα παραπάνω αποτελέσματα επαληθεύουν αυτά των τελευταίων χρόνων ότι στα μοσχεύματα των ξυλωδών φυτών οι τυχαίες ρίζες προκύπτουν είτε από παρεγχυματικά κύτταρα πλησίον του καμβίου ή κύτταρα του καμβίου (Fabbri et al., 2004; Syros et al., 2004; Ayoud και Qrunfleh, 2008) ή παρεγχυματικά κύτταρα του δευτερογενή ηθμού τα οποία βρίσκονται κοντά στις εντεριώνιες ακτίνες (Naija et al., 2008). Τα κύτταρα αυτά φαίνεται να είναι πιο ευαίσθητα στα ερεθίσματα που οδηγούν στην αποδιαφοροποίηση (Agulló-Antón et al., 2013).

Επομένως, η δυσκολία στη ριζοβολία που παρατηρείται στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ θα μπορούσε να οφείλεται κυρίως στη δυσκολία επαγωγής σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων, παρά στην αδυναμία αύξησης και ανάπτυξης των ριζικών καταβολών. Δηλαδή, η αδυναμία ριζοβολίας οφείλεται στο ότι δεν πραγματοποιούνται οι πρώτες κυτταρικές διαιρέσεις ή αν γίνονται δεν οδηγούν στο σχηματισμό ριζικών αρχεγόνων, παρατήρηση στην οποία καταλήγουν αρκετοί ερευνητές όσον αφορά τα δύσκολα προ ριζοβολία είδη (Ayoud και Qrunfleh, 2008; Amissah et al., 2008). Συμπεραίνουμε επομένως ότι η ριζοβολία της ποικιλίας ‘Καλαμών’ καθορίζεται ίσως γενετικά και εξαρτάται τόσο από τους φυσιολογικούς όσο και από τους ανατομικούς παράγοντες που επηρεάζουν τη ριζογένεση.

## 5. Βιβλιογραφία

- Agulló-Antón, M.A., Ferrández-Ayela, A., Fernández-García, N., Nicolás, C., Albacete, A., Pérez-Alfocea, F., Sánchez-Bravo, J., Pérez-Pérez, M., Acosta, M., 2013. Early steps of adventitious rooting: morphology, hormonal profiling and carbohydrate turnover in carnation stem cuttings. *Physiologia Plantarum* 150, 446-462.
- Amissah, J.N., Paolillo, D.J.Jr., Bassuk, N., 2008. Adventitious root formation in stem cuttings of *Quercus bicolor* and *Quercus macrocarpa* and its relationship to stem anatomy. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 133(4), 479-486.
- Avidan, B., Lavee, S., 1978. Physiological aspects of the rooting ability of olive cultivars. *Acta Horticulturae* 79, 93-101.
- Ayoud, S.J., Qrunfleh, M.M., 2008. A study on some physiological and anatomical aspects of rooting 'Nabali' and 'Raseei' olive semi-hardwood stem cuttings. *Acta Horticulturae* 773, 221-226.
- Biricolti, S., Fabbri, A., Ferrini, F., Pisani, P.L., 1994. Adventitious rooting in chestnut: an anatomical investigation. *Scientia Horticulturae* 59, 197-205.
- Fabbri, A., Bartolini, G., Lambardi, M., Kailis, S.G., 2004. Olive propagation manual. Landlinks Press, 150 Oxford Street, Collingwood VIC 3066, Australia.
- Hartmann, H.T., Kester, D.E., Davies, F.T., Geneve, R.L., 2001. *Plant Propagation Principles and Practices*. 5<sup>th</sup> Edition, Prentice-Hall, New Jersey.
- Jasik, J., De Klerk, G.J., 1997. Anatomical and ultrastructural examination of adventitious root formation in stem slices of apple. *Biologia Plantarum* 39(1), 79-90.
- Mousa, A.K., 2003. Rooting response of 'Nabali' and 'Improved Nabali' olive cuttings to indole butyric acid concentration and collection season. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 6(24), 2040-2043.
- Naija, S., Nadhra, E., Najoua, J., Saida A., Kevers, C., 2008. Anatomical and biochemical changes during adventitious rooting of apple rootstocks MM 106 cultured *in vitro*. *Comptes Rendus Biologies* 331, 518-525.
- Qrunfleh, M.M., Rushdi, Y., Musmar, T., Rushdi, L., 1994. Root formation in cuttings of the 'Nabali' olives with uniconazole and indolebutyric acid. *Dirasat Journal* 21(6), 71-79.

Syros, T., Yupsanis, T., Zafiriadis, H., Economou, A., 2004. Activity and isoforms of peroxidases, lignin and anatomy, during adventitious rooting in cuttings of *Ebenus crenata* L. *Journal of Plant Physiology* 161, 69-77.



# 2

## Διαφορική έκφραση γονιδίων σε μοσχεύματα ελιάς των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’

### Περίληψη

Στο παρόν κεφάλαιο μελετήθηκε η ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς σε μοριακό επίπεδο μέσω της απομόνωσης και της ανάλυσης γονιδίων διαφορεικά εκφραζόμενων σε μοσχεύματα που ριζοβολούν εύκολα και σε μοσχεύματα που ριζοβολούν δύσκολα. Για το σκοπό αυτό χρησιμοποιήθηκε φυτικός ιστός από μοσχεύματα ελιάς των ποικιλιών ‘Arbequina’ (ριζοβολεί εύκολα) και ‘Καλαμών’ (ριζοβολεί δύσκολα). Από τους ιστούς αυτούς απομονώθηκε ολικό RNA και στη συνέχεια mRNA, το οποίο χρησιμοποιήθηκε στη διαδικασία του Κατασταλτικού Αφαιρετικού Υβριδισμού (Suppression Subtractive Hybridization, SSH). Πραγματοποιήθηκαν δύο μοριακές αφαιρέσεις (‘Arbequina’-‘Καλαμών’ και ‘Καλαμών’-‘Arbequina’) και ακολούθησε κλωνοποίηση των προϊόντων για κάθε μία από τις μοριακές αφαιρέσεις. Κατασκευάστηκαν δύο αφαιρετικές cDNA βιβλιοθήκες, όπου η μία περιλαμβάνει τα γονίδια που εκφράζονται στον ιστό των μοσχευμάτων στην ‘Arbequina’ και δεν εκφράζονται στην ‘Καλαμών’ και η άλλη περιλαμβάνει τα γονίδια που εκφράζονται στον ιστό μοσχευμάτων στην ‘Καλαμών’ και δεν εκφράζονται στην ‘Arbequina’. Έγινε επιλογή 102 κλώνων από κάθε βιβλιοθήκη εκ των οποίων αλληλουχήθηκαν οι 48. Οι αλληλουχίες αυτές υπέστησαν επεξεργασία με το λογισμικό VecScreen (NCBI) για την απόκτηση των αλληλουχιών μόνο του ενθέματος cDNA ελιάς. Στη συνέχεια έγινε σύγκριση των αποκτηθέντων αλληλουχιών με τις έως τώρα γνωστές αλληλουχίες της GenBank (NCBI) με τη χρήση του λογισμικού BLAST.

Τα αποτελέσματα των μοριακών αφαιρέσεων υποδεικνύουν ότι τα απομονωθέντα τμήματα cDNA είναι ομόλογα με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνες και ένζυμα τα οποία εμπλέκονται: α) στους μηχανισμούς άμυνας των φυτών, β) στο

μεταβολισμό των υδατανθράκων και των λιπαρών οξέων, γ) στη βιοσύνθεση των φαινυλοπροπανοειδών, δ) στην οργανογένεση, ε) στην κυτταροδιαίρεση, στ) στη διαφοροποίηση των κυττάρων, ζ) στη βιοσύνθεση και τον καταβολισμό του ινδολοξικού οξέος (IAA) κ.ά.. Επίσης, αρκετές αλληλουχίες είχαν ομολογία με αλληλουχίες άγνωστης λειτουργίας από διάφορα φυτά, με μιτοχονδριακά γονιδιώματα και ριβοσωμικό RNA. Τα γονίδια αυτά που εντοπίστηκαν, είτε όταν εκφράζονται είτε όταν καταστέλλεται η έκφρασή τους, ενδεχομένως να σχετίζονται με τη φυσιολογική και βιοχημική διεργασία της ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς.

## 1. Εισαγωγή

Η ελιά πολλαπλασιάζεται τόσο εγγενώς όσο και αγενώς. Η μέθοδος πολλαπλασιασμού με τα φυλλοφόρα μοσχεύματα έχει σήμερα επικρατήσει σε παγκόσμιο επίπεδο με πάνω από τα 2/3 των δενδρυλλίων ελιάς να παράγονται με αυτόν τον τρόπο. Παρά τα πολλά πλεονεκτήματα της μεθόδου αυτής, στην πράξη έχουν παρουσιαστεί προβλήματα ριζοβολίας αφού οι ποικιλίες ελιάς διαφέρουν σημαντικά στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων τους.

Στα προηγούμενα κεφάλαια διερευνήθηκαν οι φυσιολογικοί, βιοχημικοί και ανατομικοί παράγοντες που πιθανόν να επηρεάζουν την ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς. Ωστόσο, εκτός από τις βιοχημικές και ανατομικές διαφορές πολλοί είναι οι παράγοντες εκείνοι που καθορίζουν την επιτυχία της ριζοβολίας μιας ποικιλίας, μεταξύ αυτών είναι το γενετικό υλικό. Σκοπός αυτής της εργασίας ήταν η μοριακή σύγκριση των δύο ποικιλιών ελιάς ('Καλαμών' και 'Arbequina') σε μεταγραφικό επίπεδο (mRNA) για τον εντοπισμό γονιδίων, ιδιοσυστατικά εκφραζόμενων που πιθανόν να συνδέονται με τη δυνατότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς. Για να επιτευχθεί ο παραπάνω στόχος δημιουργήθηκαν δύο αφαιρετικές (subtracted) cDNA (complimentary DNA, συμπληρωματικό DNA) βιβλιοθήκες (εύκολα ριζοβολούμενη ποικιλία ελιάς – δύσκολα ριζοβολούμενη ποικιλία ελιάς, και αντίστροφα) και μελετήθηκε σε αυτές η ύπαρξη τυχόν γενετικών παραγόντων που είναι υπεύθυνοι για τη διαφορά ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ελιάς 'Καλαμών' και 'Arbequina'.

Για τη μελέτη της έκφρασης των διαφορεικά εκφραζόμενων γονιδίων έχει αναπτυχθεί τα τελευταία χρόνια πλήθος τεχνικών που στοχεύουν στην παραγωγή ενός καταλόγου διαφορετικών μεταγραφημάτων μεταξύ δύο πληθυσμών mRNA (messenger RNA, μεταγραφικό RNA). Οι κυριότερες τεχνικές είναι οι εξής: διαφορική έκφραση (Differential Display, DD) (Liang και Pardee, 1992; Sokolon και Prockop, 1994), αντιπροσωπευτική διαφορική ανάλυση (Representational Difference Analysis, RDA) (Lisitsyn και Wigler, 1993; Hubank και Schatz, 1994), ενζυματική αφαίρεση υποβάθμισης (Enzymatic Degrading Subtraction, EDS) (Zeng et al., 1994), συνδεσμο-συλλαμβανόμενη αφαίρεση (Linker Capture Subtraction, LCS) (Yang και Sytkowski, 1996), τεχνικές που περιλαμβάνουν την απομάκρυνση -με φυσικό τρόπο- κοινών αλληλουχιών (Akorian και Wood, 1995), σειριακή ανάλυση έκφρασης γονιδίων (Serial Analysis of Gene Expression, SAGE) (Yamamoto et al., 2001),



στοχευμένη έκφραση (Targeted Display, TD) (Brown et al., 1999), διαφορική ανάλυση βιβλιοθήκης έκφρασης (Differential Analysis of Library Expression, DAzLE) (Li et al., 2004), μικροσυστοιχίες (microarrays) (Schena et al., 1998) και, τελευταία, την ποσοτική έκφραση του RNA με τη χρήση μεθόδων αλληλούχησης νέας γενεάς (next generation sequencing) (Wang et al., 2009). Οι παραπάνω τεχνικές έχουν βρεθεί να είναι αρκετά επιτυχείς ως προς την ανίχνευση, και μερικές την απομόνωση, των διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων, ωστόσο παρουσιάζουν και ορισμένα μειονεκτήματα όπως είναι η αδυναμία απομόνωσης των μεταγραφημάτων που απαντούν σπάνια.

Το ιδανικό σύστημα για την αφαιρετική κλωνοποίηση κατά τους von Stein et al. (1997) θα πρέπει να παράγει μια εξισορροπημένη αντιπροσώπευση των διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων ανεξάρτητα από τη σχετική αφθονία τους στο δείγμα. Επίσης, θα πρέπει να δίνει τη δυνατότητα παρακολούθησης της αποτελεσματικότητας της αφαίρεσης πριν από τη χρονοβόρο διαδικασία της διαλογής. Τέλος, θα πρέπει να ελαχιστοποιεί αν όχι να εξαλείφει την απομόνωση των λανθασμένων θετικών (false positives) κλώνων. Η 'αφαίρεση' μεταγραφημάτων (mRNA) είναι μια μέθοδος που επιτρέπει την απομόνωση διαφορετικά εκφραζόμενων γονιδίων, δηλαδή αυτών των γονιδίων που βρίσκονται σε έναν πληθυσμό mRNA αλλά λείπουν τελείως ή βρίσκονται σε χαμηλά επίπεδα στον άλλον πληθυσμό mRNA. Μια πρωτότυπη τεχνική που επιτρέπει την ισόρροπη απομόνωση διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων, ανεξάρτητα από το βαθμό έκφρασής τους, είναι αυτή του Κατασταλτικού Αφαιρετικού Υβριδισμού (K.A.Y.) (Suppression Subtraction Hybridization, SSH) (von Stein et al., 1997).

Ο K.A.Y. σχεδιάστηκε από τους Diatchenko et al. το 1999. Η τεχνική αυτή εκμεταλλεύεται το πλεονέκτημα της κατασταλτικής αλυσιδωτής αντίδρασης πολυμεράσης (suppression PCR), μιας εξειδικευμένης μορφής PCR, η οποία καταστέλλει την ενίσχυση των άφθονων μεταγραφημάτων, ενώ επιτρέπει την εκθετική ενίσχυση των σπάνιων μορίων cDNA στον προς μελέτη πληθυσμό. Συνεπώς, αποτελεί μια ιδιαίτερα χρήσιμη μέθοδο για την ανίχνευση των μεταγραφημάτων που βρίσκονται σε πολύ μικρές ποσότητες και επομένως είναι δύσκολο να εντοπιστούν με άλλες μεθόδους αφαιρετικού υβριδισμού. Στον K.A.Y. η 'αφαίρεση' των μεταγραφημάτων πραγματοποιείται με έναν κύκλο αφαιρετικού υβριδισμού και επιλεκτικής ενίσχυσης των διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων.

Η μέθοδος του Κ.Α.Υ εφαρμόστηκε στην τραχύκαρπο λεμονιά (*Citrus jambhiti* Lush) για τον εντοπισμό διαφορών στην έκφραση των γονιδίων που επάγονται στα φύλλα μετά τη μόλυνση με *Alternaria alternata* (Gomi et al., 2003). Οι Licciardello et al. (2008) χρησιμοποίησαν την παραπάνω τεχνική για τη σύγκριση της γονιδιακής έκφρασης μεταξύ δύο ποικιλιών εσπεριδοειδών, ήτοι της αιματόσαρκης πορτοκαλιάς ‘Moro’ και της κοινής ‘Cadenera’. Επίσης, ο Κ.Α.Υ. έχει χρησιμοποιηθεί με επιτυχία για τη μελέτη σε μεταγραφικό επίπεδο της αντίδρασης της μηλιάς (*Malus domestica*) με προσβολή των φύλλων της από το βακτήριο *Erwinia amylovora* (Norelli et al., 2009). Τελευταία, ο Κ.Α.Υ. εφαρμόστηκε για τον εντοπισμό γονιδίων σε ενήλικα και νεανικά μοσχεύματα ξυλοκερατιάς κατά την καλοκαιρινή και τη χειμερινή περίοδο (Στουρνάρας, 2009), καθώς και σε βλαστό λεμονιάς των ποικιλιών ‘Αδαμοπούλου’ και ‘Lisbon’ για τη μελέτη πιθανής παρουσίας παραγόντων που είναι υπεύθυνοι για τη διαφορά των δύο ποικιλιών ως προς την ανθεκτικότητά τους στην κορυφοξήρα και το ψύχος (Κουτσιουμάρη, 2009).

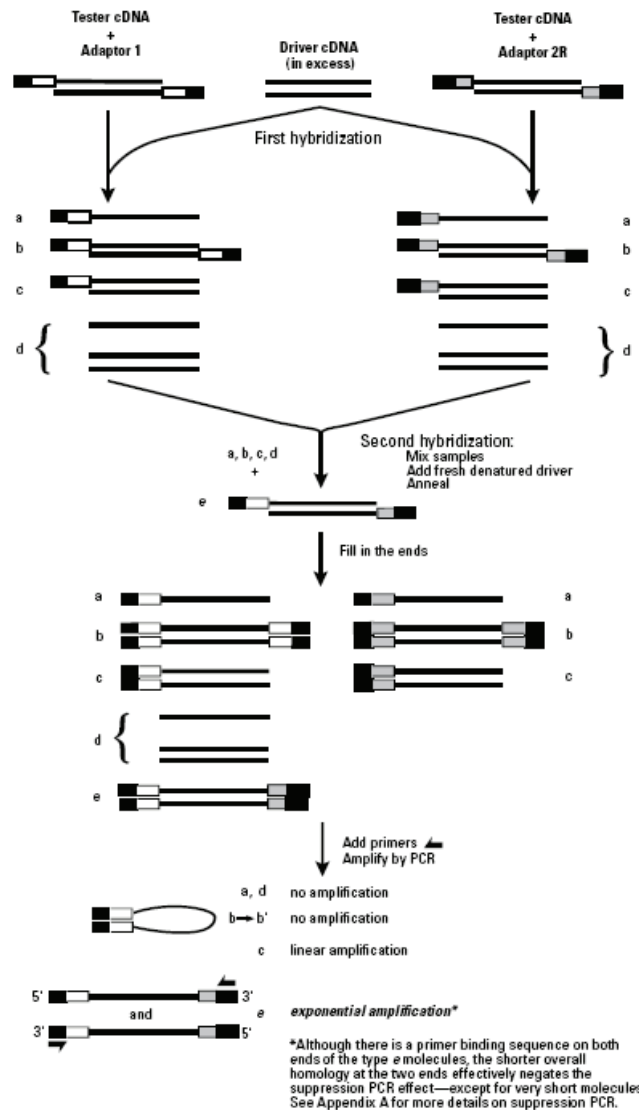
### 1.1 Ο Κατασταλτικός Αφαιρετικός Υβριδισμός (Κ.Α.Υ.)

Ο Κ.Α.Υ. είναι μια μέθοδος που επιτρέπει τη σύγκριση δύο πληθυσμών mRNA και την απομόνωση των γονιδίων που εκφράζονται στον έναν πληθυσμό αλλά λείπουν ή βρίσκονται σε χαμηλά επίπεδα στον άλλον πληθυσμό mRNA. Η διαδικασία της μεθόδου αυτής ξεκινάει με τη σύνθεση cDNA από το mRNA των δύο ιστών ή κυττάρων που πρόκειται να συγκριθούν. Το cDNA στο οποίο ενδιαφερόμαστε να εντοπίσουμε τα διαφορετικά εκφραζόμενα γονίδια, δηλαδή το cDNA στο οποίο μελετώνται οι αλλαγές στη γονιδιακή έκφραση, αναφέρεται ως δοκιμαστής (tester), ενώ το cDNA αναφοράς, δηλαδή το cDNA ενός μάρτυρα, αναφέρεται ως οδηγός (driver). Ο tester και ο driver υφίστανται πέψη από ένα ένζυμο περιορισμού το οποίο αφήνει τυφλά άκρα. Στη συνέχεια το cDNA του tester χωρίζεται σε δύο μέρη καθένα εκ των οποίων συνδέεται με έναν διαφορετικό προσαρμοστή (adaptor) δίκλωνου cDNA. Οι προσαρμοστές δεν έχουν στα άκρα τους φωσφορικές ομάδες, επομένως μόνο ο μεγαλύτερου μήκους κλώνος του κάθε προσαρμοστή να μπορεί να προσδεθεί ομοιοπολικά στα 5'-άκρα του cDNA. Επίσης, οι δύο προσαρμοστές έχουν πανομοιότυπες αλληλουχίες έτσι ώστε να επιτρέπουν τη συγκόλληση του εκκινήτη της PCR.

Στη συνέχεια της μεθόδου ακολουθούν δύο διαδικασίες υβριδισμού. Στον πρώτο υβριδισμό περίσσεια driver cDNA προστίθεται σε καθέναν από τους δύο πληθυσμούς του tester που έχουν συνδεθεί με τους διαφορετικούς προσαρμοστές. Τα δείγματα θερμαίνονται και αφήνονται να συγκολληθούν, δημιουργώντας τους τύπους μορίων cDNAs 'a', 'b', 'c' και 'd' σε κάθε δείγμα. Ο τύπος 'a' μορίων, δηλαδή τα μονόκλιωνα μόρια με προσαρμοστή στο ένα άκρο, ομαλοποιούνται γεγονός που σημαίνει ότι οι συγκεντρώσεις των cDNAs σχεδόν εξισώνονται. Η ομαλοποίηση λαμβάνει χώρα διότι η διαδικασία της συγκόλλησης που παράγει τους τύπους μορίων cDNAs 'b' και 'c' είναι ταχύτερη για τα μόρια που βρίσκονται σε μεγαλύτερη αφθονία σε σχέση με τα μικρότερης αφθονίας cDNA τα οποία παραμένουν μονόκλιωνα (τύπος 'a'), σύμφωνα με το δεύτερο νόμο της κινητικής του υβριδισμού. Επιπλέον, τα μονόκλιωνα cDNAs του τύπου 'a' εμπλουτίζονται σημαντικά με cDNAs των διαφορετικά εκφραζόμενων γονιδίων, καθώς τα cDNAs που δεν εκφράζονται διαφορετικά ενώνονται με τον driver και σχηματίζουν τον τύπο μορίων 'c', γεγονός που οφείλεται στην περίσσεια του driver cDNA που χρησιμοποιείται.

Ακολούθως πραγματοποιείται ο δεύτερος υβριδισμός όπου τα δύο πρωταρχικά δείγματα στα οποία πραγματοποιήθηκε ο πρώτος υβριδισμός αναμιγνύονται και ταυτόχρονα προστίθεται νέα ποσότητα αποδιατεταγμένου driver. Υπό αυτές τις συνθήκες μόνο τα μονόκλιωνα cDNAs του τύπου 'a' μπορούν να ανασυνδυαστούν και να σχηματίσουν υβρίδια ενός νέου τύπου μορίων του 'e'. Ο τύπος υβριδίων 'e' αποτελείται από δίκλιωνα μόρια του tester με διαφορετικούς προσαρμοστές (adaptors) σε κάθε άκρο τους. Στο στάδιο αυτό, η προσθήκη νέας ποσότητας αποδιατεταγμένου driver cDNA αυξάνει τη δυνατότητα του υβριδισμού εμπλουτίζοντας με αυτόν τον τρόπο τα υβρίδια του τύπου 'e' με τα ζητούμενα διαφορετικά εκφραζόμενα γονίδια.

Στη συνέχεια πραγματοποιούνται δύο διαδοχικές αντιδράσεις PCR προκειμένου να ενισχυθούν οι αλληλουχίες των επιθυμητών διαφορετικά εκφραζόμενων γονιδίων. Κατά τη διάρκεια της πρώτης PCR τα άκρα των προσαρμοστών συμπληρώνονται σχηματίζοντας συμπληρωματικές θέσεις συγκόλλησης των εκκινητών που είναι απαραίτητοι για την ενίσχυση. Αυτό έχει ως αποτέλεσμα οι διάφοροι τύποι των υβριδίων ('b', 'c', 'd' και 'e') να εμπεριέχουν διαφορετικούς συνδυασμούς αλληλουχιών του προσαρμοστή στα άκρα τους.



**Σχήμα 4.** Σχηματική αναπαράσταση του Κατασταλτικού Αφαιρετικού Υβριδισμού (Anonymous 1, 2007).

Τα μόρια του τύπου 'a' και 'd' που σχηματίζονται κατά τη διάρκεια του δεύτερου υβριδισμού δεν έχουν θέσεις συγκόλλησης για τους εκκινητές και επομένως δεν μπορούν να ενισχυθούν. Τα περισσότερα μόρια του τύπου 'b' σχηματίζουν τη λιγότερο κατάλληλη έως ακατάλληλη για ενίσχυση σταθερή μορφή του τηγανιού (pan-like structure), ενώ ο τύπος 'c' έχει μόνο μια θέση συγκόλλησης του εκκινητή και έτσι μπορεί να ενισχυθεί μόνο γραμμικά. Μόνο ο τύπος 'e' έχει σε κάθε άκρο του διαφορετικούς προσαρμοστές που του επιτρέπουν να ενισχυθούν εκθετικά με την PCR. Αυτό έχει ως αποτέλεσμα να δημιουργηθεί ένας cDNA πληθυσμός (υβρίδια τύπου 'e') που είναι εμπλουτισμένος με γονίδια διαφορεικά εκφραζόμενα

## 2. Υλικά και Μέθοδοι

### 2.1 Φυτικό υλικό - Επεμβάσεις και φύτευση μοσχευμάτων - Δειγματοληψία

Το πείραμα διεξήχθη στη μονάδα υδρονέφωσης του εργαστηρίου Δενδροκομίας του Γεωπονικού Πανεπιστημίου Αθηνών. Χρησιμοποιήθηκαν δύο ποικιλίες ελιάς, η 'Arbequina' και η 'Καλαμών'. Τα πειράματα ριζοβολίας πραγματοποιήθηκαν το φθινόπωρο (Οκτώβριος-Δεκέμβριος 2010). Τα φυλλοφόρα μοσχεύματα προέρχονταν από ημιξυλοποιημένη νέα βλάστηση και ελήφθησαν από μητρικά φυτά ηλικίας 15 ετών. Οι διαστάσεις των μοσχευμάτων ήταν τυποποιημένες, με μήκος περίπου 7 cm, πάχος μικρότερο από 5 mm και έφεραν 4 φύλλα.

Στα φυλλοφόρα μοσχεύματα, πριν φυτευτούν, εμβαπτίστηκε η βάση τους για 5 sec σε ορμονικό διάλυμα IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> διαλυμένο σε 45% v/v αιθανόλη/απεσταγμένο νερό. Τα μοσχεύματα που χρησιμοποιήθηκαν ως μάρτυρας εμβαπτίστηκαν για 5 sec σε διάλυμα 45% v/v αιθανόλης/απεσταγμένου νερού. Για τη φύτευση των μοσχευμάτων χρησιμοποιήθηκαν θήκες με οργανικό υπόστρωμα με βάση την τύρφη-jiffy pots (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands). Μετά τη φύτευση τα μοσχεύματα τοποθετήθηκαν εντός της μονάδας της υδρονέφωσης. Συνολικά φυτεύτηκαν 300 μοσχεύματα για κάθε ποικιλία και επέμβαση (600 μοσχεύματα για την ποικιλία 'Arbequina' και 600 μοσχεύματα για την ποικιλία 'Καλαμών').

Από τα μοσχεύματα που εγκαταστάθηκαν στη μονάδα της υδρονέφωσης έγινε δειγματοληψία στις μηδέν, μία, τρεις, πέντε, επτά και δεκαπέντε ημέρες μετά τη φύτευση. Οι δειγματοληψίες διενεργήθηκαν σε μοσχεύματα που είχαν δεχτεί και τις δύο επεμβάσεις (IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> και μάρτυρας). Σε κάθε δειγματοληψία και για κάθε επέμβαση λαμβάνονταν 30 ολόκληρα μοσχεύματα χωρίς να αποκόβεται η βάση τους. Τα μοσχεύματα αμέσως μετά τη συλλογή μεταφέρθηκαν μέσα σε πλαστικά φορητά ψυγεία με παγοκύστες σε ψυγείο στους 1 °C, όπου τεμαχίστηκαν και ελήφθησαν μόνο 2 cm του βλαστού από τη βάση των μοσχευμάτων. Στη συνέχεια τοποθετήθηκαν σε υγρό άζωτο και αποθηκεύθηκαν στους -80 °C μέσα σε σωλήνες falcon των 15 mL.

### 2.2 Απομόνωση ολικού RNA από βλαστό ελιάς

Για την απομόνωση του ολικού RNA από το βλαστό της ελιάς έγινε χρήση της μεθόδου του Gasic et al. (2004) καθώς και του TRIzol Reagent (Invitrogen, USA)

(Anonymus 2, 2006). Και οι δύο μέθοδοι έδωσαν θετικά αποτελέσματα, αλλά ως πιο αποτελεσματική μέθοδος απομόνωσης του ολικού RNA βρέθηκε να είναι αυτή του TRIzol Reagent (Invitrogen, USA).

- Σε 100 mg ιστού (βάσεις μοσχευμάτων) προστίθενται 1,7 mL TRIzol Reagent (περιέχει φαινόλη και guanidine isothiocyanate) και ομογενοποιούνται σε γουδί καλά μέχρι να διαλυθεί ο ιστός.
- Το ομογενοποιημένο δείγμα μεταφέρεται σε πλαστικό σωλήνα falcon των 15 mL και επώζεται για 5 min σε θερμοκρασία δωματίου προκειμένου να γίνει πλήρης διαχωρισμός των νουκλεοπρωτεϊνικών συμπλόκων.
- Προστίθενται 0,25 mL χλωροφόρμιου (chloroform) (0,2 mL/1 mL TRIzol Reagent) και το δείγμα ανακινείται για 15 sec.
- Το δείγμα επώζεται για 3 min σε θερμοκρασία δωματίου και στη συνέχεια ακολουθεί φυγοκέντρηση στα 12.000 g για 15 min σε θερμοκρασία 2-8 °C.
- Μετά τη φυγοκέντρηση το δείγμα χωρίζεται σε τρεις φάσεις: η ανώτερη, που αποτελεί την υδατική φάση, είναι διαφανής και εκεί εμπεριέχεται το RNA, η ενδιάμεση και η κατώτερη που περιέχει φαινόλη και χλωροφόρμιο και έχει κόκκινωπό χρώμα.
- Η υδατική φάση της οποίας ο όγκος είναι ίσος περίπου με το 60% του όγκου του TRIzol Reagent που χρησιμοποιήθηκε για την ομογενοποίηση, συλλέγεται και μεταφέρεται σε καθαρό σωλήνα falcon των 15 mL.
- Για την κατακρήμνιση του RNA προστίθενται 0,5 mL ισοπροπυλικής αλκοόλης (isopropyl alcohol) και αναμιγνύονται για 15 min.
- Τα δείγματα επώζονται σε θερμοκρασία δωματίου για 10 min.
- Ακολουθεί φυγοκέντρηση στα 12.000 g για 10 min σε θερμοκρασία 2-8 °C.
- Απομακρύνεται το υπερκείμενο με προσοχή. Το κατακρημνισμένο RNA σχηματίζει ένα μικρό ίζημα στον πυθμένα του σωλήνα.
- Το RNA ίζημα ξεπλένεται με 1 mL 75% αιθανόλης (1 mL/1 mL TRIzol Reagent) και στη συνέχεια αναδεύεται ισχυρά.
- Ακολουθεί φυγοκέντρηση του δείγματος στα 12.000 g για 5 min σε θερμοκρασία 2-8 °C.
- Απομακρύνεται το υπερκείμενο (αιθανόλη).
- Το RNA ίζημα τοποθετείται για στέγνωμα σε θερμοκρασία 45-50 °C για 15 min.

- Στη συνέχεια το RNA ίζημα επαναδιαλύεται σε 100  $\mu\text{L}$  RNAase-free νερό και αναδεύεται έως ότου να διαλυθεί πλήρως και αποθήκευση στους  $-80\text{ }^\circ\text{C}$ .

### 2.3 Ποσοτικός και ποιοτικός προσδιορισμός του ολικού RNA

Η συγκέντρωση και η καθαρότητα του RNA προσδιορίστηκε φασματοφωτομετρικά. Τα δείγματα RNA μετατράπηκαν σε υδατικά διαλύματα με αραιώση 1:5 με DEPC-νερό. Η οπτική πυκνότητα του αραιωμένου δείγματος προσδιορίστηκε με τη χρήση φασματοφωτομέτρου (Hitachi U-2001) σε μήκη κύματος 260 και 280 nm. Η συγκέντρωση του RNA είναι ίση με το γινόμενο της ένδειξης του φασματοφωτομέτρου στα 260 nm ( $O.D._{260}$ ) επί την αραιώση (1:5 στην περίπτωση μας) επί  $40\text{ }\mu\text{g mL}^{-1}$  και εκφράζεται σε  $\mu\text{g mL}^{-1}$ . Η καθαρότητα του δείγματος σε RNA υπολογίζεται με το λόγο  $O.D._{260}/O.D._{280}$ , όπου  $O.D._{260}$  και  $O.D._{280}$  είναι οι ενδείξεις του φασματοφωτομέτρου στα αντίστοιχα μήκη κύματος. Τιμές του λόγου  $O.D._{260}/O.D._{280}$  κοντά στο 1,8 υποδεικνύουν καθαρό διάλυμα RNA (απουσία πρωτεϊνών, φαινολικών ενώσεων κ.ά.).

Στη συνέχεια έγινε καθαρισμός του RNA που απομονώθηκε με τη μέθοδο TRIzol. Ο καθαρισμός πραγματοποιήθηκε σύμφωνα με τις οδηγίες του εγχειριδίου του kit RNase MinElute Cleanup. Μετά τον καθαρισμό με κολώνα ακολούθησε ηλεκτροφόρηση των δειγμάτων σε πηκτική αγαρόζης 1,5% w/v σε ρυθμιστικό διάλυμα 0,5X TAE. Τέλος, πραγματοποιήθηκε φωτομέτρηση των δειγμάτων σε φασματοφωτόμετρο όπως περιγράφεται παραπάνω.

### 2.4 Ανάλυση για επιμόλυνση DNA στα δείγματα RNA

#### 2.4.1 Εκκινητές που χρησιμοποιήθηκαν στην παρούσα μελέτη

Οι παρακάτω εκκινητές χρησιμοποιήθηκαν στην παρούσα μελέτη για την πραγματοποίηση RT-PCR και PCR στα δείγματα RNA.

Εκκινητές	Αλληλουχίες εκκινητών
NADH-F	GGACTCCTGACGTATACGAAGGATC
NADH-R	AGTAGATGCTATCACACATACAAT
T7 minimal	TAATACGACTCACTATAGG
SP6	GCTATTTAGGTGACACTATAGAATAC

#### 2.4.2 RT-PCR σύμφωνα με την SuperScript για το NADH (γονίδιο μάρτυρας)

Η διαδικασία που ακολουθήθηκε ήταν η εξής:

Για κάθε RT-PCR χρειαζόμαστε 500 ng δείγμα. Τα δείγματα που έχουμε είναι ‘Καλαμών’ μάρτυρας (KA control), ‘Arbequina’ με εφαρμογή IBA (AR IBA) και ‘Arbequina’ μάρτυρας (AR control).

- Η αντίδραση για τα δείγματα της ‘Καλαμών’ και της ‘Arbequina’ αντίστοιχα προετοιμάζεται ως εξής:

Συστατικά	AR control	AR IBA	KA control
DEPC H <sub>2</sub> O	9,4 μL	9,5 μL	7,6 μL
NADH R-primer (-) (pmole)	1 μL	1 μL	1 μL
δείγμα με το ολικό RNA	0,6 μL	0,5 μL	2,4 μL
dNTPs mix (10 mM)	1 μL	1 μL	1 μL
<b>Συνολικός όγκος αντίδρασης</b>	<b>12 μL</b>	<b>12 μL</b>	<b>12 μL</b>

- Τα δείγματα τοποθετούνται στην PCR σε πρόγραμμα hot start στους 65 °C για 5 min για να υβριδίσει ο εκκινητής και στη συνέχεια παραμένουν στους 4 °C μέχρι να πραγματοποιηθεί η δεύτερη αντίδραση.
- Προετοιμασία του δεύτερου μίγματος (Master Mix) που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

5X First-strand Buffer	4 μL
0,1 M DTT	2 μL
RNase out	1 μL
<b>τελικός όγκος</b>	<b>7 μL</b>

- Σε κάθε ένα δείγμα προστίθενται 7 μL από το παραπάνω μίγμα.
- Τα δείγματα τοποθετούνται στην PCR σε πρόγραμμα hot start στους 42 °C για 2 min και στη συνέχεια παραμένουν στους 4 °C.
- Σε κάθε δείγμα προστίθεται 1 μL ενζύμου SuperScript.
- Τα δείγματα τοποθετούνται στην PCR σε πρόγραμμα hot start στους 42 °C για 50 min, στους 70 °C για 15 min και στη συνέχεια παραμένουν στους 4 °C.

Με την παραπάνω διαδικασία παράγεται cDNA στο οποίο πραγματοποιείται PCR όπως παρακάτω με στόχο να πολλαπλασιαστεί.

#### 2.4.3 PCR σύμφωνα με την SuperScript για το NADH

Έγινε PCR στα δείγματα της RT-PCR καθώς και στα RNA δείγματα.

Σε κάθε δείγμα προστίθενται 24 μL μίγματος και 1 μL cDNA από RT-PCR ή 1 μL εξάγατος RNA.



- Προετοιμασία του κυρίου μίγματος (Master Mix) που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

HPLC H <sub>2</sub> O	17,375 μL
5X One Taq Standard Reaction Buffer	5 μL
NADH F-primer (+) (10 mM)	0,5 μL
NADH R-primer (-) (10 mM)	0,5 μL
dNTPs mix (10 mM)	0,5 μL
ένζυμο One Taq	0,125 μL
δείγμα	1 μL
<b>τελικός όγκος</b>	<b>25 μL</b>

- Ακολουθεί PCR σε πρόγραμμα hot start ως εξής:

94 °C για 3 min	} 35 κύκλοι
94 °C για 1 min	
55 °C για 1 min	
68 °C για 1 min	
68 °C για 5 min	
4 °C παραμονή	

Στη συνέχεια ακολουθεί ηλεκτροφόρηση των δειγμάτων RNA σε πηκτή αγαρόζης 1,5% w/v σε ρυθμιστικό διάλυμα 0,5X TAE για έλεγχο τυχόν επιμόλυνσης των δειγμάτων από DNA.

## 2.5 Σύνθεση της πρώτης αλυσίδας του cDNA (First-Strand cDNA synthesis) σύμφωνα με το SMARTer PCR cDNA Synthesis Kit (Clontech)

Η ποσότητα που ολικού RNA που απαιτείται για να ξεκινήσει η διαδικασία είναι 400 ng.

- Η αντίδραση για κάθε δείγμα προετοιμάζεται ως εξής:

Συστατικά	AR control	AR IBA	KA control
Αποστειρωμένο H <sub>2</sub> O	3,05 μL	3,1 μL	- μL
3' Smart CDS Primer II A (12 μM)	1 μL	1 μL	1 μL
δείγμα με το ολικό RNA	0,45 μL	0,4 μL	3,5 μL
<b>Συνολικός όγκος αντίδρασης</b>	<b>4,5 μL</b>	<b>4,5 μL</b>	<b>4,5 μL</b>

- Ανάδευση των δειγμάτων.
- Ακολουθεί PCR σε πρόγραμμα ως εξής:
 

72 °C για 3 min
42 °C για 2 min
- Προετοιμασία του κυρίου μίγματος (Master Mix) που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

5X First-Strand Buffer	2 μL
DTT (100 mM)	0,25 μL
dNTPs mix (10 mM)	1 μL
SMARTer II A Oligonucleotide (12 μM)	1 μL
RNase Inhibitor	0,25 μL
SMARTScribe Reverse Transcriptase (100 U)	1 μL
<b>τελικός όγκος</b>	<b>5,5 μL</b>

- Σε κάθε δείγμα προστίθενται 5,5 μL από το παραπάνω μίγμα.
- Ακολουθεί PCR σε πρόγραμμα ως εξής:
  - 42 °C για 90 min
  - 70 °C για 10 min
- Σε κάθε δείγμα προστίθενται 40 μL ρυθμιστικό διάλυμα TE (0,1 mM EDTA, 10 mM Tris pH 8.0 και HPLC H<sub>2</sub>O).
- Αποθήκευση των δειγμάτων στους -20 °C.

## 2.6 Ενίσχυση της αλυσίδας του cDNA (cDNA Amplification by LD PCR) σύμφωνα με το SMARTer PCR cDNA Synthesis Kit

- Προετοιμασία του κυρίου μίγματος (Master Mix) που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

Αποστειρωμένο H <sub>2</sub> O	222 μL
10X Advantage 2 PCR Buffer	30 μL
50X dNTPs mix (10 mM)	6 μL
5' PCR Primer II A (12 μM)	6 μL
ένζυμο Advantage 2 Polymerase Mix	6 μL
<b>τελικός όγκος</b>	<b>270 μL</b>

- Σε κάθε σωλήνα προστίθενται 270 μL από το παραπάνω μίγμα και 30 μL cDNA.
- Καλή ανάδευση.
- Χωρίζω τα παραπάνω δείγματα σε τρία ίσα μέρη των 100 μL το καθένα και ονομάζω τους σωλήνες eppendorf a, b και c. Επομένως έχω τα εξής δείγματα: AR IBA a, AR IBA b, AR IBA c, AR control a, AR control b, AR control c, KA control a, KA control b και KA control c.
- Τοποθετώ τα δείγματα στην PCR σε πρόγραμμα ως εξής:

95 °C για 1 min	}	15 κύκλοι
95 °C για 15 min		
65 °C για 30 sec		
68 °C για 6 min		
4 °C παραμονή		

- Τα δείγματα a και b αποθηκεύονται στους 4 °C.
- Από τα δείγματα c μεταφέρονται 30 µL σε καθαρό σωλήνα eppendorf με την ονομασία Optimization και τα υπόλοιπα 70 µL αποθηκεύονται στους 4 °C.
- Από τα 30 µL του δείγματος c Optimization αποθηκεύονται 5 µL για να διενεργηθεί ηλεκτροφόρηση.
- Τα δείγματα c Optimization (25 µL) τοποθετούνται στην PCR για ακόμα 3 κύκλους, δηλαδή το τελικό προϊόν προκύπτει μετά από 18 κύκλους PCR.
- Αποθηκεύονται 5 µL από το παραπάνω δείγμα για να διενεργηθεί ηλεκτροφόρηση.
- Τα 20 µL που έχουν περισσέψει από τα δείγματα c Optimization τοποθετούνται στην PCR για ακόμα 3 κύκλους, δηλαδή το τελικό προϊόν προκύπτει μετά από 21 κύκλους στην PCR και αποθηκεύουμε 5 µL για ηλεκτροφόρηση.
- Η παραπάνω διαδικασία γίνεται άλλες δύο φορές με 24 και 27 κύκλους στην PCR.
- Ακολουθεί ηλεκτροφόρηση όλων των δειγμάτων c σε πηκτή αγαρόζης 1,5% w/v σε ρυθμιστικό διάλυμα 0,5X TAE.
- Με βάση τα αποτελέσματα των παραπάνω ηλεκτροφορήσεων καταλήγουμε ότι ο ιδανικός αριθμός κύκλων στην PCR για τα δείγματα AR IBA και KA control είναι οι 17 κύκλοι, ενώ για τα δείγματα AR control είναι οι 19 κύκλοι.
- Σε όλα τα δείγματα προστίθενται 2 µL 0,5 M EDTA για να τερματίσουμε την αντίδραση.
- Αποθήκευση των δειγμάτων στους -20 °C.

Στη συνέχεια έγινε Χρωματογραφία Στήλης (Column Chromatography) σύμφωνα με το SMARTer PCR cDNA Synthesis Kit για καθαρισμό των δειγμάτων και ακολούθησε ηλεκτροφόρηση των δειγμάτων (δείγματα πριν και μετά τη χρωματογραφία στήλης).

## 2.7 Πέψη του cDNA με το ένζυμο περιορισμού RsaI

- Για κάθε δείγμα σε σωλήνα eppendorf προστίθενται:
 

10X RsaI restriction buffer	36 μL
RsaI (10 units)	1,5 μL
- Τα δείγματα τοποθετούνται για 3 ώρες στους 37 °C.
- Μεταφέρονται 10 μL δείγματος σε καθαρό σωλήνα για να γίνει ηλεκτροφόρηση με στόχο να ελέγξουμε εάν η πέψη ήταν επιτυχής.
- Προστίθενται στο υπόλοιπο δείγμα 8 μL 0,5 M EDTA για να τερματιστεί η αντίδραση.
- Μεταφέρονται 10 μL από το παραπάνω δείγμα σε καθαρό σωλήνα για να γίνει ηλεκτροφόρηση.
- Αποθήκευση των δειγμάτων στους -20 °C.

## 2.8 Καθαρισμός μετά από πέψη του cDNA με το ένζυμο περιορισμού RsaI

- Σε κάθε δείγμα προστίθενται διάλυμα φαινόλης:χλωροφορμίου:ισοαμυλικής αλκοόλης (25:24:1) σε όγκο ίσο με τον όγκο του δείγματος (400 μL).
- Ανακίνηση του δείγματος και παραμονή σε θερμοκρασία δωματίου για 5 min.
- Φυγοκέντρηση στα 18.000 g για 10 min για διαχωρισμό των φάσεων.
- Το υπερκείμενο (υδατική φάση) μεταφέρεται σε καθαρό σωλήνα eppendorf.
- Στο δείγμα προστίθενται 400 μL χλωροφορμίου:ισοαμυλικής αλκοόλης (24:1).
- Ακολουθεί φυγοκέντρηση των δειγμάτων στα 18.000 g για 10 min για διαχωρισμό των φάσεων.
- Απομάκρυνση του υπερκειμένου και μεταφορά αυτού σε καθαρό σωλήνα eppendorf.
- Προστίθενται σε κάθε δείγμα 150 μL 4M NH<sub>4</sub>OAc και 1,125 mL αιθανόλης 95%.
- Φυγοκέντρηση στα 18.000 g για 20 min και απομάκρυνση του υπερκειμένου.
- Στο ίζημα προστίθενται 500 μL αιθανόλης 75%.
- Ακολουθεί φυγοκέντρηση των δειγμάτων στα 18.000 g για 5 min και απομακρύνεται το υπερκείμενο.
- Το ίζημα τοποθετείται για στέγνωμα στους 50 °C για 5 min.
- Το ίζημα επαναδιαλύεται σε 7 μL 1X TNE buffer.

- Αποθήκευση των δειγμάτων στους  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ .

## 2.9 Συγκόλληση των προσαρμοστών (Adaptor Ligation) στα τμήματα του cDNA του tester

- Σε καινούργιους σωλήνες eppendorf αραιώνεται 1  $\mu\text{L}$  από τα κομμένα τμήματα cDNA σε 5  $\mu\text{L}$  αποστειρωμένο νερό.
- Προετοιμασία του κυρίου μίγματος (Master Mix) που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

Αποστειρωμένο $\text{H}_2\text{O}$	3 $\mu\text{L}$
5X Ligation Buffer	2 $\mu\text{L}$
T4 DNA Ligase (400 units $\text{mL}^{-1}$ )	1 $\mu\text{L}$
<b>τελικός όγκος</b>	<b>6 <math>\mu\text{L}</math></b>

- Για κάθε tester προετοιμάζονται δύο σωλήνες eppendorf σύμφωνα με τους παρακάτω πίνακες:

Πίνακας Α				
Συστατικά	AR IBA 1 Tester 1-1	AR IBA 1 Tester 1-2	KA control Tester 1-1	KA control Tester 1-2
Αραιωμένο tester cDNA	2 $\mu\text{L}$	2 $\mu\text{L}$	2 $\mu\text{L}$	2 $\mu\text{L}$
Adaptor 1 (10 $\mu\text{M}$ )	2 $\mu\text{L}$	-	2 $\mu\text{L}$	-
Adaptor 2R (10 $\mu\text{M}$ )	-	2 $\mu\text{L}$	-	2 $\mu\text{L}$
Master Mix	6 $\mu\text{L}$	6 $\mu\text{L}$	6 $\mu\text{L}$	6 $\mu\text{L}$
<b>Τελικός όγκος</b>	<b>10 <math>\mu\text{L}</math></b>	<b>10 <math>\mu\text{L}</math></b>	<b>10 <math>\mu\text{L}</math></b>	<b>10 <math>\mu\text{L}</math></b>

Πίνακας Β				
Συστατικά	AR IBA 2 Tester 2-1	AR IBA 2 Tester 2-2	AR control Tester 1-1	AR control Tester 1-2
Αραιωμένο tester cDNA	2 $\mu\text{L}$	2 $\mu\text{L}$	2 $\mu\text{L}$	2 $\mu\text{L}$
Adaptor 1 (10 $\mu\text{M}$ )	2 $\mu\text{L}$	-	2 $\mu\text{L}$	-
Adaptor 2R (10 $\mu\text{M}$ )	-	2 $\mu\text{L}$	-	2 $\mu\text{L}$
Master Mix	6 $\mu\text{L}$	6 $\mu\text{L}$	6 $\mu\text{L}$	6 $\mu\text{L}$
<b>Τελικός όγκος</b>	<b>10 <math>\mu\text{L}</math></b>	<b>10 <math>\mu\text{L}</math></b>	<b>10 <math>\mu\text{L}</math></b>	<b>10 <math>\mu\text{L}</math></b>

- Σε σωλήνες eppendorf ετοιμάζονται οι tester-μάρτυρες (tester-control) οι οποίοι δεν ακολουθούν τη διαδικασία της αφαίρεσης:

AR IBA 1 Tester 1-control	KA control Tester 1-control	AR IBA 2 Tester 2-control	AR control Tester 1-control
2 $\mu\text{L}$ Tester 1-1	2 $\mu\text{L}$ Tester 1-1	2 $\mu\text{L}$ Tester 2-1	2 $\mu\text{L}$ Tester 1-1
2 $\mu\text{L}$ Tester 1-2	2 $\mu\text{L}$ Tester 1-2	2 $\mu\text{L}$ Tester 2-2	2 $\mu\text{L}$ Tester 1-2

- Τοποθέτηση όλων των σωλήνων eppendorf που προετοιμάστηκαν παραπάνω στους  $16\text{ }^{\circ}\text{C}$  για όλη τη διάρκεια της νύχτας.

- Σε κάθε σωλήνα προστίθενται 1 µL EDTA/Glycogen Mix (20X EDTA) για να τερματιστεί η αντίδραση.
- Τα δείγματα θερμαίνονται στους 72 °C για 5 min προκειμένου να απενεργοποιηθεί η λιγάση.
- Οι tester-μάρτυρες αραιώνονται με νερό σε αναλογία 1:1000 (1 µL tester-μάρτυρας με 1 mL νερό).
- Αποθήκευση των δειγμάτων στους -20 °C.

## 2.10 Πρώτος Υβριδισμός του Κ.Α.Υ.

- Για κάθε tester προετοιμάζονται δύο σωλήνες eppendorf σύμφωνα με τους παρακάτω πίνακες:

Συστατικά	Πίνακας Α	
	Αριθμός σωλήνα	
	1	2
Κομμένα τμήματα driver cDNA (KA control) (από βήμα 2.8)	1,5 µL	1,5 µL
Tester 1-1 (AR IBA 1) Adaptor 1 (από βήμα 2.9)	1,5 µL	- µL
Tester 1-2 (AR IBA 1) Adaptor 2R (από βήμα 2.9)	- µL	1,5 µL
4X ρυθμιστικό διάλυμα υβριδισμού (Hybridization buffer)	1 µL	1 µL
<b>Τελικός όγκος</b>	<b>4 µL</b>	<b>4 µL</b>

Συστατικά	Πίνακας Β	
	Αριθμός σωλήνα	
	3	4
Κομμένα τμήματα driver cDNA (AR IBA) (από βήμα 2.8)	1,5 µL	1,5 µL
Tester 1-1 (KA control) Adaptor 1 (από βήμα 2.9)	1,5 µL	- µL
Tester 1-2 (KA control) Adaptor 2R (από βήμα 2.9)	- µL	1,5 µL
4X ρυθμιστικό διάλυμα υβριδισμού (Hybridization buffer)	1 µL	1 µL
<b>Τελικός όγκος</b>	<b>4 µL</b>	<b>4 µL</b>

Συστατικά	Πίνακας Γ	
	Αριθμός σωλήνα	
	5	6
Κομμένα τμήματα driver cDNA (AR control) (από βήμα 2.8)	1,5 µL	1,5 µL
Tester 2-1 (AR IBA 2) Adaptor 1 (από βήμα 2.9)	1,5 µL	- µL
Tester 2-2 (AR IBA 2) Adaptor 2R (από βήμα 2.9)	- µL	1,5 µL
4X ρυθμιστικό διάλυμα υβριδισμού (Hybridization buffer)	1 µL	1 µL
<b>Τελικός όγκος</b>	<b>4 µL</b>	<b>4 µL</b>

Συστατικά	Πίνακας Δ	
	Αριθμός σωλήνα	
	7	8
Κομμένα τμήματα driver cDNA (AR IBA) (από βήμα 2.8)	1,5 µL	1,5 µL
Tester 1-1 (AR control) Adaptor 1 (από βήμα 2.9)	1,5 µL	- µL
Tester 1-2 (AR control) Adaptor 2R (από βήμα 2.9)	- µL	1,5 µL
4X ρυθμιστικό διάλυμα υβριδισμού (Hybridization buffer)	1 µL	1 µL
<b>Τελικός όγκος</b>	<b>4 µL</b>	<b>4 µL</b>

- Τα δείγματα τοποθετούνται στους 98 °C για 1 min και 30 sec.
- Τα δείγματα τοποθετούνται στους 68 °C για 8 ώρες προκειμένου να πραγματοποιηθεί ο υβριδισμός των ομόλογων νουκλεοξέων.

### 2.11 Δεύτερος Υβριδισμός του Κ.Α.Υ.

- Σε σωλήνες erpendorf παρασκευάζεται μίγμα με τα παρακάτω συστατικά:

#### A) ‘Arbequina’ IBA driver 1 mix

- 1 μL κομμένα τμήματα driver cDNA (AR IBA 1) (από βήμα 2.8)
- 1 μL 4X ρυθμιστικό διάλυμα υβριδισμού (Hybridization buffer)
- 2 μL αποστειρωμένο νερό

#### B) ‘Καλαμών’ control driver 1 mix

- 1 μL κομμένα τμήματα driver cDNA (KA control) (από βήμα 2.8)
- 1 μL 4X ρυθμιστικό διάλυμα υβριδισμού (Hybridization buffer)
- 2 μL αποστειρωμένο νερό

#### Γ) ‘Arbequina’ IBA driver 2 mix

- 1 μL κομμένα τμήματα driver cDNA (AR IBA 2) (από βήμα 2.8)
- 1 μL 4X ρυθμιστικό διάλυμα υβριδισμού (Hybridization buffer)
- 2 μL αποστειρωμένο νερό

#### Δ) ‘Arbequina’ control driver 1 mix

- 1 μL κομμένα τμήματα driver cDNA (AR control) (από βήμα 2.8)
- 1 μL 4X ρυθμιστικό διάλυμα υβριδισμού (Hybridization buffer)
- 2 μL αποστειρωμένο νερό

- Σε ξεχωριστούς σωλήνες erpendorf τοποθετούνται στην PCR για 1,5 min στους 98 °C, 1 μL από ‘Arbequina’ IBA driver 1 mix, 1 μL από ‘Καλαμών’ control driver 1 mix, 1 μL από ‘Arbequina’ IBA driver 2 mix και 1 μL από ‘Arbequina’ control driver 1 mix.
- Στη συνέχεια μεταφέρονται:
  - I. 4 μL από το σωλήνα 3 μαζί με 1 μL από το ‘Arbequina’ IBA driver 1 mix και προστίθενται στο σωλήνα 4.
  - II. 4 μL από το σωλήνα 1 μαζί με 1 μL από το ‘Καλαμών’ control driver 1 mix και προστίθενται στο σωλήνα 2.

III. 4  $\mu\text{L}$  από το σωλήνα 5 μαζί με 1  $\mu\text{L}$  από το ‘Arbequina’ control driver 1 mix και προστίθενται στο σωλήνα 6.

IV. 4  $\mu\text{L}$  από το σωλήνα 7 μαζί με 1  $\mu\text{L}$  από το ‘Arbequina’ IBA driver 2 mix και προστίθενται στο σωλήνα 8.

- Οι σωλήνες 2, 4, 6 και 8 τοποθετούνται στους 68 °C για όλη τη διάρκεια της νύχτας.
- Ακολούθως, σε κάθε σωλήνα προστίθενται 200  $\mu\text{L}$  διαλύματος αραιώσης (dilution buffer).
- Τα δείγματα τοποθετούνται στους 68 °C για 7 min.
- Αποθήκευση των δειγμάτων στους -20 °C.

Επισημαίνεται ότι το υλικό της αφαίρεσης ‘Arbequina’ control-‘Arbequina’ IBA και ‘Arbequina’ IBA-‘Arbequina’ control παραμένει αποθηκευμένο στους -20 °C για μελλοντική χρήση.

## 2.12 Ενίσχυση με PCR των προϊόντων του Κ.Α.Υ.

Για να ενισχύσουμε τα προϊόντα του Κ.Α.Υ., της αφαίρεσης ‘Arbequina’-‘Καλαμών’ και ‘Καλαμών’-‘Arbequina’, κάνουμε δύο PCR.

- Προετοιμασία του κυρίου μίγματος (Master Mix 1) που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

Αποστειρωμένο H <sub>2</sub> O	15,6 $\mu\text{L}$
10X PCR ρυθμιστικό διάλυμα αντίδρασης	2 $\mu\text{L}$
dNTPs mix (10 mM)	0,4 $\mu\text{L}$
PCR εκκινητής 1 (10 $\mu\text{M}$ )	0,8 $\mu\text{L}$
ένζυμο 50X Advantage cDNA Polymerase mix	0,4 $\mu\text{L}$
<b>τελικός όγκος</b>	<b>19,2 <math>\mu\text{L}</math></b>

- Σε κάθε σωλήνα προστίθενται 19,2  $\mu\text{L}$  από το παραπάνω μίγμα και 0,08  $\mu\text{L}$  δείγμα.
- Τοποθετώ τα δείγματα στους 75 °C για 5 min.
- Ακολουθεί PCR σύμφωνα με το παρακάτω πρόγραμμα:

αρχική αποδιάταξη	94 °C για 25 sec	}	27 κύκλοι
αποδιάταξη DNA	94 °C για 10 sec		
υβριδισμός εκκινητών με τη μήτρα	66 °C για 30 sec		
επιμήκυνση προϊόντων	72 °C για 1,5 min		
τελική επιμήκυνση προϊόντων	72 °C για 10 min		



- Τα προϊόντα της πρώτης PCR αραιώνονται με νερό σε αναλογία 1:30 (3  $\mu\text{L}$  από δείγμα της PCR1 αραιώνονται με 27  $\mu\text{L}$  νερό).
- Προετοιμασία του δεύτερου μίγματος (Master Mix 2) που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

Αποστειρωμένο $\text{H}_2\text{O}$	18,5 $\mu\text{L}$
10X PCR ρυθμιστικό διάλυμα αντίδρασης	2,5 $\mu\text{L}$
Nested PCR εκκινητής 1 (10 $\mu\text{M}$ )	1 $\mu\text{L}$
Nested PCR εκκινητής 2R (10 $\mu\text{M}$ )	1 $\mu\text{L}$
dNTPs mix (10 mM)	0,5 $\mu\text{L}$
ένζυμο 50X Advantage cDNA Polymerase mix	0,5 $\mu\text{L}$
<b>τελικός όγκος</b>	<b>24 <math>\mu\text{L}</math></b>

- Σε κάθε σωλήνα προστίθενται 24  $\mu\text{L}$  από το παραπάνω μίγμα και 1  $\mu\text{L}$  αραιωμένο δείγμα από PCR1.
- Ακολουθεί PCR σύμφωνα με το παρακάτω πρόγραμμα:
 

αρχική αποδιάταξη	94 °C για 25 sec	} 12 κύκλοι
αποδιάταξη DNA	94 °C για 10 sec	
υβριδισμός εκκινητών με τη μήτρα	68 °C για 30 sec	
επιμήκυνση προϊόντων	72 °C για 1,5 min	
τελική επιμήκυνση προϊόντων	72 °C για 10 min	
- Αποθήκευση των δειγμάτων στους -20 °C.

### 2.13 Ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της πρώτης και της δεύτερης PCR του K.A.Y.

Μετά το πέρας της διαδικασίας του κατασταλτικού αφαιρετικού υβριδισμού τα προϊόντα των PCR αναλύθηκαν με ηλεκτροφόρηση σε πηκτή αγαρόζης 2% w/v σε ρυθμιστικό διάλυμα 0,5X TAE. Για την εμφάνιση των προϊόντων της PCR στην πηκτή έγινε χρώση με βρωμιούχο αιθίδιο στο σκοτάδι και στη συνέχεια φωτογραφήθηκε κάτω από υπεριώδη ακτινοβολία (MiniBIS Pro, DNR Bio-Imaging Systems).

### 2.14 Κλωνοποίηση των προϊόντων του K.A.Y.

Η κλωνοποίηση των προϊόντων του κατασταλτικού αφαιρετικού υβριδισμού πραγματοποιήθηκε σε τέσσερα στάδια:

- Ενίσχυση των προϊόντων του υβριδισμού με PCR με τη χρήση της Advantage cDNA πολυμεράσης,
- Απομόνωση των προϊόντων για κλωνοποίηση,

γ) Ένθεση των ενισχυμένων τμημάτων cDNA σε ειδικό πλασμιδιακό φορέα (pGEM-T Easy Vector, Promega, U.S.A.),

δ) Μετασχηματισμός των επιδεκτικών βακτηριακών κυττάρων DH5a.

Αναλυτικά οι διαδικασίες έχουν ως εξής:

#### α) Ενίσχυση των προϊόντων του υβριδισμού

Η διαδικασία της ενίσχυσης των προϊόντων του υβριδισμού έγινε με τη χρήση των αραιωμένων προϊόντων της πρώτης PCR όπως περιγράφεται παραπάνω στο βήμα 2.12.

- Στη συνέχεια έγινε προετοιμασία του δεύτερου μίγματος (Master Mix 2) που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

Αποστειρωμένο H <sub>2</sub> O	37 μL
10X PCR ρυθμιστικό διάλυμα αντίδρασης	5 μL
Nested PCR εκκινήτης 1 (10 μM)	2 μL
Nested PCR εκκινήτης 2R (10 μM)	2 μL
dNTPs mix (10 mM)	1 μL
ένζυμο 50X Advantage cDNA Polymerase mix	1 μL
<b>τελικός όγκος</b>	<b>48 μL</b>

- Σε κάθε σωλήνα προστίθενται 48 μL από το παραπάνω μίγμα και 2 μL αραιωμένο δείγμα από PCR1.
- Ακολουθεί PCR σύμφωνα με το παρακάτω πρόγραμμα:

αρχική αποδιάταξη	94 °C για 25 sec	} 12 κύκλοι
αποδιάταξη DNA	94 °C για 10 sec	
υβριδισμός εκκινήτων με τη μήτρα	68 °C για 30 sec	
επιμήκυνση προϊόντων	72 °C για 1,5 min	
τελική επιμήκυνση προϊόντων	72 °C για 10 min	

Στη συνέχεια στα δείγματα που ελήφθησαν από την παραπάνω PCR (PCR2) έγινε tailing. Η διαδικασία έχει ως εξής:

- Προετοιμασία του μίγματος που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

Αποστειρωμένο H <sub>2</sub> O	19,4 μL
10X PCR ρυθμιστικό διάλυμα αντίδρασης	8 μL
dATPs (10 mM)	1,6 μL
ένζυμο Taq DNA πολυμεράση (5 U μL <sup>-1</sup> )	1 μL
<b>τελικός όγκος</b>	<b>30 μL</b>

- Σε κάθε δείγμα από την δεύτερη PCR (50 μL) προστίθενται 30 μL από το παραπάνω μίγμα.

- Τοποθέτηση των δειγμάτων στους 72 °C για 30 min.

### **β) Απομόνωση των προϊόντων για κλωνοποίηση**

Τα προϊόντα της δεύτερης PCR διαχωρίστηκαν σε πηκτή αγαρόζης 2% w/v σε ρυθμιστικό διάλυμα 0,5X TAE. Για την ηλεκτροφόρηση χρησιμοποιήθηκαν 20 µL από τα προϊόντα της PCR τα οποία τοποθετήθηκαν σε 2 διαδρομές (10 µL ανά διαδρομή). Η ηλεκτροφόρηση διήρκησε 50 min σε τάση 100 V. Για την εμφάνιση των προϊόντων της ηλεκτροφόρησης έγινε χρώση με βρωμιούχο αιθίδιο στο σκοτάδι για 30 min και φωτογράφηση της πηκτής κάτω από υπεριώδη ακτινοβολία.

Για τη μελέτη των γονιδίων σε διαφορική έκφραση η πηκτή αγαρόζης (ύπο υπεριώδη ακτινοβολία) κόπηκε σε τρία μέρη προκειμένου να γίνει απομόνωση των μορίων DNA μεγέθους μεγαλύτερου των 1000 ζευγών βάσεων, μεταξύ 500 και 1000 ζευγών βάσεων και μικρότερου των 500 ζευγών βάσεων, αντίστοιχα. Τα τμήματα τα οποία αποκόπηκαν από την πηκτή καθαρίστηκαν από την αγαρόζη με τη χρήση του QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen, UK), σύμφωνα με τις οδηγίες της παρασκευάστριας εταιρείας.

### **γ) Συγκόλληση των ενισχυμένων τμημάτων cDNA σε ειδικό πλασμιδιακό φορέα**

Για την κλωνοποίηση των ενισχυμένων τμημάτων cDNA χρησιμοποιήθηκε ο πλασμιδιακός φορέας pGEM-T Easy Vector (Promega, U.S.A.). Ακολουθήθηκε η διαδικασία που περιγράφεται από την παρασκευάστρια εταιρεία. Για τη λήψη του μέγιστου αριθμού μετασχηματισμένων πλασμιδίων τα δείγματα παρέμειναν σε θερμοκρασία δωματίου για 1 ώρα και στη συνέχεια τοποθετήθηκαν στους 4 °C για όλη τη διάρκεια της νύχτας.

### **δ) Μετασχηματισμός επιδεικτικών βακτηριακών κυττάρων *Escherichia coli* DH5a**

Για την κλωνοποίηση των προϊόντων της PCR με μέγεθος μεγαλύτερου των 1000 ζευγών βάσεων, μεταξύ 500 και 1000 ζευγών βάσεων και μικρότερου των 500 ζευγών βάσεων χρησιμοποιήθηκαν τα κύτταρα Library Efficiency DH5a Competent Cells (Invitrogen, USA). Για το μετασχηματισμό χρησιμοποιήθηκαν 10 µL από τη αντίδραση συγκόλλησης (Ligation product) τα οποία προστέθηκαν σε 100 µL βακτηριακών κυττάρων DH5a. Τα δείγματα τοποθετήθηκαν στον πάγο για 30 min και στη συνέχεια σε υδατόλουτρο στους 42 °C για 45 sec. Για την ανάπτυξη των

βακτηρίων δημιουργήθηκε υγρό υπόστρωμα (LBamp) 900  $\mu\text{L}$  ανά δείγμα και στη συνέχεια για να πολλαπλασιαστούν τα βακτήρια τα δείγματα τοποθετήθηκαν στους  $37^\circ\text{C}$  για 1 ώρα. Για κάθε δείγμα δημιουργήθηκαν 2 τρυβλία (LBamp με αμπικιλίνη και άγαρ) με 100  $\mu\text{L}$  δείγματος στο καθένα και 1 τρυβλίο με 700  $\mu\text{L}$  δείγματος. Στη συνέχεια τα τρυβλία τοποθετήθηκαν στους  $37^\circ\text{C}$  για όλη τη διάρκεια της νύχτας. Την επόμενη ημέρα τα τρυβλία-δείγματα τοποθετήθηκαν για 1 ώρα στους  $4^\circ\text{C}$  και πλέον ήταν ορατές μπλε και άσπρες αποικίες.

### 2.15 Κατασκευή των αφαιρετικών cDNA βιβλιοθηκών

Τα μετασχηματισμένα βακτήρια που προέκυψαν από την παραπάνω διαδικασία χρησιμοποιήθηκαν για τη δημιουργία δύο αφαιρετικών βιβλιοθηκών: μια βιβλιοθήκη για την αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’ και μια για την αφαίρεση ‘Καλαμών’- ‘Arbequina’. Για την επιλογή των βακτηριακών αποικιών που θα αποτελέσουν την κάθε βιβλιοθήκη ακολουθήθηκαν οι παρακάτω μέθοδοι.

Μια πρώτη διαλογή των βακτηρίων έγινε με βάση την ανθεκτικότητα στην αμπικιλίνη. Την ιδιότητα αυτή την αποκτούν τα βακτήρια αφού μετασχηματιστούν με τον πλασμιδιακό φορέα. Τα βακτήρια που δεν μετασχηματίζονται δεν επιβιώνουν παρουσία του αντιβιοτικού στο θρεπτικό υπόστρωμα.

Η δεύτερη διαλογή έγινε με βάση την έκφραση ή μη του γονιδίου της  $\beta$ -γαλακτοσιδάσης (μπλε/άσπρο χρώμα αποικιών). Το γονίδιο αυτό βρίσκεται στον πλασμιδιακό φορέα και η έκφρασή του επάγεται όταν το υπόστρωμα καλλιέργειας περιέχει το ενζυμικό υπόστρωμα x-gal (5-bromo-4-chloro-3-indolyl- $\beta$ -D-galactoside). Σε αυτή την περίπτωση η αποικία έχει μπλε χρώμα. Όταν έχει γίνει ένθεση τμήματος DNA στον πλασμιδιακό φορέα αυτό ενσωματώνεται στην περιοχή του γονιδίου της  $\beta$ -γαλακτοσιδάσης και διακόπτεται η συνέχειά του με αποτέλεσμα να μην εκφράζεται το γονίδιο και η αποικία να έχει λευκό χρώμα. Σε λίγες όμως περιπτώσεις η ενσωμάτωση του DNA δεν επηρεάζει τις τριπλέτες των κωδικονίων έκφρασης με αποτέλεσμα το γονίδιο της  $\beta$ -γαλακτοσιδάσης να συνεχίζει να εκφράζεται κανονικά. Σε αυτή την περίπτωση η αποικία εμφανίζει μπλε χρώμα παρόλο που έχει γίνει ένθεση του DNA.

Ωστόσο η πλέον αξιόπιστη μέθοδος για να επιλεγούν οι αποικίες που φέρουν πλασμίδιο με ένθεμα είναι η διεξαγωγή αντίδρασης PCR απευθείας από την αποικία (colony PCR) και στη συνέχεια η ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της αντίδρασης.

Στην παρούσα εργασία χρησιμοποιήθηκε μόνο το 1 τρυβλίο με 100  $\mu\text{L}$  δείγματος που δημιουργήθηκε παραπάνω, ενώ τα άλλα δύο τρυβλία αποθηκεύθηκαν στους  $-80\text{ }^\circ\text{C}$  για μελλοντική χρήση. Από το επιλεγμένο τρυβλίο μεταφέρθηκαν οι επιθυμητές αποικίες με τη βοήθεια αποστειρωμένων οδοντογλυφίδων υπό ασηπτικές συνθήκες σε τρυβλία συλλογής με LBamp+x-gal. Ακολούθησε γραμμωτή εξάπλωση (streaking) των αποικιών που επιλέχθηκαν για τη δημιουργία αφαιρετικών βιβλιοθηκών με σκοπό τη λήψη μεμονωμένων αποικιών.

Στη συνέχεια οι επιλεγμένες βακτηριακές αποικίες (λευκές, λευκές-μπλε και ορισμένες μπλε αποικίες) μεταφέρθηκαν με αποστειρωμένες οδοντογλυφίδες υπό ασηπτικές συνθήκες σε τρυβλία με υπόστρωμα LBamp+x-gal για τη δημιουργία πιάτων συλλογής αποικιών. Οι επιλεγμένες αποικίες των πιάτων συλλογής ελέγχθησαν για να εξακριβωθεί εάν έχει γίνει ένθεση του cDNA με τη διεξαγωγή αντίδρασης PCR απευθείας από την αποικία (colony PCR) και στη συνέχεια έγινε ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της αντίδρασης. Συνολικά εξετάστηκαν 204 αποικίες. Επιλέχθηκαν 102 αποικίες από κάθε αφαίρεση, δηλαδή 34 αποικίες με μέγεθος τμήματος cDNA μεγαλύτερου των 1000 ζευγών βάσεων, 34 αποικίες με μέγεθος τμήματος cDNA μεταξύ 500 και 1000 ζευγών βάσεων και 34 αποικίες με μέγεθος τμήματος cDNA μικρότερου των 500 ζευγών βάσεων.

#### α) Η αντίδραση PCR πραγματοποιείται ως εξής:

- Προετοιμασία του μίγματος που περιέχει τις παρακάτω ποσότητες των επιμέρους υλικών για κάθε αντίδραση:

Αποστειρωμένο $\text{H}_2\text{O}$	13,7 $\mu\text{L}$
5X One Taq Standard Reaction Buffer	4 $\mu\text{L}$
dNTPs mix (10 mM)	0,4 $\mu\text{L}$
Πρόσθιος εκκινητής T7 (Primer T7) (10 mM)	0,4 $\mu\text{L}$
Οπίσθιος εκκινητής SP6 (Primer SP6) (10 mM)	0,4 $\mu\text{L}$
ένζυμο OneTaq (5 U $\mu\text{L}^{-1}$ )	0,1 $\mu\text{L}$
<b>τελικός όγκος</b>	<b>19 <math>\mu\text{L}</math></b>

- Επιλογή τμήματος των αποικιών και αραιώση του δείγματος σε 100  $\mu\text{L}$  αποστειρωμένο νερό.
- Στη συνέχεια προστίθενται 19  $\mu\text{L}$  από το παραπάνω μίγμα αντίδρασης και 1  $\mu\text{L}$  αραιωμένο δείγμα αποικίας.
- Ακολουθεί PCR σύμφωνα με το παρακάτω πρόγραμμα:

αρχική αποδιάταξη	94 °C για 3 min	} 35 κύκλοι
αποδιάταξη DNA	94 °C για 1 min	
υβριδισμός εκκινητών με τη μήτρα	50 °C για 1 min	
επιμήκυνση προϊόντων	68 °C για 1 min	
τελική επιμήκυνση προϊόντων	68 °C για 5 min	

## β) Ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της PCR

Ακολουθεί ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της PCR και με βάση την εικόνα μπορεί να εξαχθεί συμπέρασμα για το αν στο πλασμίδιο έχει γίνει ένθεση του cDNA ή όχι. Οι εκκινητές Primer T7 και Primer SP6 ενισχύουν ένα τμήμα του πλασμιδίου κοντά στην περιοχή του ενθέματος το οποίο όταν το πλασμίδιο είναι άδειο έχει μέγεθος περίπου 290 bp. Όταν έχει γίνει ένθεση κάποιου cDNA στο πλασμίδιο οι εκκινητές ενισχύουν μια μεγαλύτερη περιοχή της οποίας η ζώνη στην ηλεκτροφόρηση υποδεικνύει έμμεσα και το μέγεθος του τμήματος του cDNA που έχει κλωνοποιηθεί.

Στη συνέχεια οι επιλεγμένες βακτηριακές αποικίες μεταφέρθηκαν με αποστειρωμένες οδοντογλυφίδες υπό ασηπτικές συνθήκες στο θάλαμο νηματικής ροής σε πιάτα των 96 θέσεων (96-well plates) που περιείχαν στερεό θρεπτικό υπόστρωμα ανάπτυξης βακτηρίων και τοποθετήθηκαν για ανάπτυξη στους 37 °C για όλη τη διάρκεια της νύχτας. Μετά την ανάπτυξη των βακτηρίων τα πιάτα απεστάλησαν για αλληλούχηση στην εταιρεία Beckman Coulter Genomics (UK).

Παράλληλα για κάθε πιάτο δημιουργήθηκε και ένα πιάτο-αντίγραφο 96 θέσεων που περιείχε υγρό υπόστρωμα ανάπτυξης βακτηρίων. Τα πιάτα 96 θέσεων αυτά τοποθετήθηκαν στους 37 °C για όλη τη διάρκεια της νύχτας σε συσκευή με περιστροφική κίνηση (250 στροφές /λεπτό). Την επόμενη ημέρα προστέθηκε σε κάθε θέση γλυκερόλη σε συγκέντρωση 50% και τα πιάτα αποθηκεύτηκαν αμέσως στους -80 °C για μελλοντική χρήση.

### 2.16 Αλληλούχηση

Η αλληλούχηση πραγματοποιήθηκε από την εταιρεία Beckman Coulter Genomics (UK) με τη χρήση των εκκινητών M13F και M13R. Τα αποτελέσματα παρελήφθησαν μέσω και αποθηκεύτηκαν σε ηλεκτρονική μορφή σε H/Y για περαιτέρω μελέτη.

## 2.17 Επεξεργασία των αλληλουχιών

Οι αλληλουχίες αξιολογήθηκαν αρχικά ως προς την ποιότητά τους με βάση τον αλγόριθμο PHRED. Όσες αλληλουχίες είχαν τιμή PHRED<200 απερρίφθησαν και δεν έγινε περαιτέρω επεξεργασία τους. Στη συνέχεια οι αλληλουχίες υπέστησαν επεξεργασία με το λογισμικό VecScreen (NCBI, USA) προκειμένου να αποκτηθούν ‘καθαρές’ αλληλουχίες ενθέματος cDNA ελιάς απαλλαγμένων από τις αλληλουχίες του πλασμιδιακού φορέα και των προσαρμοστών που χρησιμοποιούνται κατά τη διαδικασία του κατασταλτικού αφαιρετικού υβριδισμού.

Ύστερα από την εύρεση των ‘καθαρών’ αλληλουχιών ακολούθησε η βιοπληροφορική ανάλυση τους. Αρχικά, πραγματοποιήθηκε έλεγχος για τον εντοπισμό όμοιων αλληλουχιών μεταξύ των αποκτηθέντων (pairwise alignment) αλληλουχιών. Προς τούτο, χρησιμοποιήθηκε το πρόγραμμα Blast (έκδοση - 2.2.25+, NCBI) και πιο συγκεκριμένα το makeblastdb.exe για την κατασκευή της βάσης δεδομένων των αλληλουχιών μας και το blastn.exe για τη σύγκριση των αλληλουχιών αυτών. Με τη χρήση του τελευταίου, υπολογίζεται το E-value των δύο αλληλουχιών που συγκρίνονται κάθε φορά, και με βάση αυτό γίνεται η σύγκριση των αλληλουχιών για την εύρεση πιθανής ομολογίας μεταξύ τους. Η διαδικασία σύγκρισης των αλληλουχιών μπορεί να διαιρεθεί στα εξής επιμέρους στάδια:

A) Κατασκευή βάσης δεδομένων αλληλουχιών που αποκτήθηκαν:

Τη βάση δεδομένων απετέλεσε ένα αρχείο .fasta (μικρή βάση δεδομένων όπως αναφέρθηκε ανωτέρω), το οποίο περιείχε όλες τις «καθαρές» αλληλουχίες και των δύο αφαιρέσεων. Για την κατασκευή της βάσης δόθηκε η κάτωθι εντολή:

```
Makeblastdb -in 1.txt -dbtype nucl -parse_seqids -out 2 -title "3", όπου,
```

1: txt: το όνομα του αρχείου που περιέχει το σύνολο των αλληλουχιών

2: σειρά αρχείων που θα δημιουργηθούν από το πρόγραμμα και αποτελούν τη βάση δεδομένων με διάφορες επεκτάσεις κατανοητές από το πρόγραμμα.

3: Ο τίτλος της βάσης δεδομένων.

B) Εκτέλεση του blastn – συγκρίσεις έναντι της σχηματισθείσας βάσης δεδομένων:

```
Blastn -query 4.txt -db 2 -out 4_output.txt, όπου,
```

4: το όνομα του αρχείου .txt σε .fasta μορφή που περιέχει την αλληλουχία που θα συγκριθεί με αυτές της βάσης δεδομένων.

Η εκτέλεση του σταδίου B πραγματοποιήθηκε τόσες φορές όσες και οι προς έλεγχο αλληλουχίες, δηλαδή 68 φορές. Ύστερα από την εύρεση των όμοιων

(σύμφωνα με το E-value) αλληλουχιών ακολούθησε η πολλαπλή συστοίχισή τους με το πρόγραμμα ClustalW2 (EBI, UK) όπου βρέθηκε αν οι αλληλουχίες ήταν ίδιες σε κάποιο τμήμα τους ή στο σύνολο του μήκους τους.

Στη συνέχεια, έγινε σύγκριση των αποκτηθέντων ‘καθαρών’ αλληλουχιών με τη χρήση του λογισμικού Blast (NCBI, USA) με τις αλληλουχίες που είναι κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών (organism: Viridiplantae taxid: 33090) για νουκλεοτίδια (Blastn-nt), για Expressed Sequencing Tags (Blast-EST) και για πρωτεΐνες (Blastx). Ακολούθησε επιλογή των προς μελέτη καταχωρήσεων με βάση το E-value σε κάθε σύγκριση και των λειτουργιών των ομόλογων τμημάτων/γονιδίων. Τέλος, οι αλληλουχίες των ESTs κατηγοριοποιήθηκαν σε κατηγορίες λειτουργιών γονιδίων σύμφωνα με το Blast2GO (Biobam, Ισπανία).



### 3. Αποτελέσματα

#### 3.1 Επίδραση των ορμονών στη ριζοβολία

Η σύγκριση των ποικιλιών έδειξε ότι τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας επιτεύχθηκαν στην ποικιλία ‘Arbequina’ που έφθασαν μέχρι το ποσοστό 78%, ενώ η ποικιλία ‘Καλαμών’ ριζοβόλησε σε πολύ μικρά ποσοστά (3%) (Πίνακας 67).

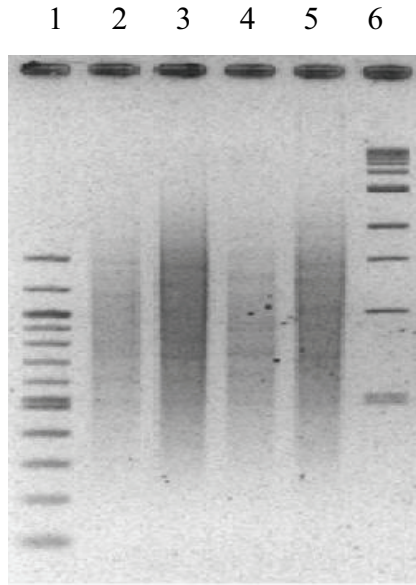
**Πίνακας 67.** Επίδραση του IBA στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ (2010).

Επεμβάσεις	Arbequina			Καλαμών		
	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα	Σάπισμα	Κάλλος	Ρίζα
Μάρτυρας	43a	11a	45b	89a	11b	0a
IBA 2000 mg L <sup>-1</sup>	12b	10a	<b>78a</b>	65b	32a	3a

Επεξηγήσεις: Μέσοι εντός της ίδιας στήλης που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=10$ ).

#### 3.2 Αποτελέσματα κατασταλτικού αφαιρετικού υβριδισμού

Στην παρούσα μελέτη έγινε μοριακή σύγκριση δύο ποικιλιών ελιάς (‘Καλαμών’ και ‘Arbequina’) σε μεταγραφικό επίπεδο (mRNA) με την τεχνική του Κατασταλτικού Αφαιρετικού Υβριδισμού (Κ.Α.Υ.) για τον εντοπισμό γονιδίων ιδιοσυστατικά εκφραζόμενων που πιθανόν να συνδέονται με τη ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς. Δημιουργήθηκαν δύο βιβλιοθήκες: α) εύκολα ριζοβολούμενη ποικιλία ελιάς ‘Arbequina’ – δύσκολα ριζοβολούμενη ποικιλία ελιάς ‘Καλαμών’ και β) δύσκολα ριζοβολούμενη ποικιλία ελιάς ‘Καλαμών’ – εύκολα ριζοβολούμενη ποικιλία ελιάς ‘Arbequina’. Τα προϊόντα PCR που προέκυψαν από τη διαδικασία του Κ.Α.Υ. αναλύθηκαν με ηλεκτροφόρηση από πηκτή αγαρόζης 2% w/v σε 0,5 X TAE (Εικ. 29).

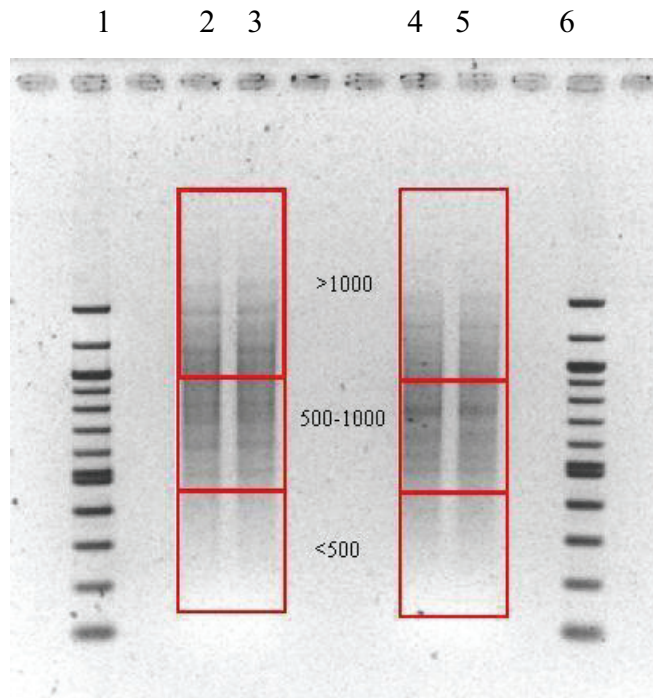


**Εικόνα 29.** Ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της δεύτερης PCR του Κ.Α.Υ.

1) 100 bp DNA Ladder, προϊόντα δεύτερης PCR από: 2) Μοριακή αφαίρεση 'Καλαμών'- 'Arbequina', 3) 'Καλαμών', 4) Μοριακή αφαίρεση 'Arbequina' -'Καλαμών', 5) 'Arbequina', και 6) 1 kb DNA Ladder.

### 3.3 Κλωνοποίηση προϊόντων PCR του Κ.Α.Υ.

Για τη μελέτη των γονιδίων σε διαφορετική έκφραση έγινε απομόνωση των προϊόντων της δεύτερης PCR του Κ.Α.Υ από πηκτή αγαρόζης 2% w/v σε ρυθμιστικό διάλυμα 0,5 X TAE. Για κάθε αφαίρεση χρησιμοποιήθηκαν 20  $\mu$ L από τα προϊόντα της PCR τα οποία τοποθετήθηκαν σε 2 διαδρομές (10  $\mu$ L ανά διαδρομή). Στο ηλεκτρογράφημα (Εικ. 30) παρατηρήθηκε και στις δύο αφαιρέσεις ένα συνεχόμενο αποτύπωμα DNA (smear), στο οποίο εμφανίζονται αρκετές ζώνες χωρίς όμως έντονη αποτύπωση. Επίσης, παρατηρούμε ότι οι έντονες ζώνες DNA διέφεραν μεταξύ των δύο αφαιρέσεων. Για το λόγο αυτό η πηκτή αγαρόζης κόπηκε σε τρία μέρη προκειμένου να γίνει απομόνωση των μορίων DNA μεγέθους μεγαλύτερου των 1000 ζευγών βάσεων, μεταξύ 500 και 1000 ζευγών βάσεων και μικρότερου των 500 ζευγών βάσεων, αντίστοιχα (Εικ. 30).



**Εικόνα 30.** Ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της δεύτερης PCR του Κ.Α.Υ.

1) 100 bp DNA Ladder, προϊόντα δεύτερης PCR από: 2 και 3) Μοριακή αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’, 4 και 5) Μοριακή αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’, και 6) 100 bp DNA Ladder.

### 3.4 Κατασκευή των αφαιρετικών cDNA βιβλιοθηκών

Τα προϊόντα της PCR που απομονώθηκαν από την πηκτή αγαρόζης (Εικ. 30), κλωνοποιήθηκαν στο στέλεχος βακτηρίου *Escherichia coli*. Τα μετασχηματισμένα βακτήρια που προέκυψαν από την παραπάνω διαδικασία χρησιμοποιήθηκαν για τη δημιουργία δύο αφαιρετικών βιβλιοθηκών: μια βιβλιοθήκη για την αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’ και μια για την αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’. Στη συνέχεια για την επιλογή των βακτηριακών αποικιών που θα αποτελέσουν την κάθε βιβλιοθήκη εξετάστηκαν 204 αποικίες με τη διεξαγωγή αντίδρασης PCR απευθείας από την αποικία (colony PCR) για να εξακριβωθεί εάν έχει γίνει ένθεση του cDNA. Συνολικά επιλέχθηκαν 102 αποικίες από κάθε αφαίρεση, δηλαδή 34 αποικίες με μέγεθος τμήματος cDNA μεταξύ 500 και 1000 ζευγών βάσεων, 34 αποικίες με μέγεθος τμήματος cDNA μεγαλύτερου των 1000 ζευγών βάσεων και 34 αποικίες με μέγεθος τμήματος cDNA μικρότερου των 500 ζευγών βάσεων. Από αυτές τις αποικίες τελικά επιλέχθηκαν 96 αποικίες, δηλαδή ένα πιάτο με 48 αποικίες από κάθε ποικιλία, 16 αποικίες ανά μέγεθος τμήματος cDNA, το οποίο στάλθηκε για αλληλούχηση.

### 3.5 Επεξεργασία και ανάλυση αποκτηθέντων αλληλουχιών

Οι αποκτηθέντες αλληλουχίες αξιολογήθηκαν αρχικά ως προς την ποιότητά τους με βάση τον αλγόριθμο PHRED. Όσες αλληλουχίες είχαν τιμή PHRED<200 απορρίφθηκαν και δεν έγινε περαιτέρω επεξεργασία τους. Στη συνέχεια οι αλληλουχίες υπέστησαν επεξεργασία όπως περιγράφεται στα Υλικά και Μέθοδοι. Από την παραπάνω διαδικασία προέκυψαν συνολικά 73 ‘καθαρές’ αλληλουχίες. Μετά την απομάκρυνση των ομολόγων αλληλουχιών προέκυψαν συνολικά 68 αλληλουχίες οι οποίες και μελετήθηκαν περαιτέρω (Πίνακας 68). Οι τελικές αλληλουχίες για όλα τα κλωνοποιηθέντα τμήματα cDNA παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd στο Παράρτημα Δ της διατριβής.

**Πίνακας 68.** Σύνοψη των αποτελεσμάτων της αλληλούχησης και της επεξεργασίας των αποκτηθέντων αλληλουχιών.

	‘Arbequina’- ‘Καλαμών’	‘Καλαμών’- ‘Arbequina’	Σύνολο
Σύνολο αλληλουχισθέντων ενθεμάτων	48	48	96
Αλληλουχίες που απορρίφθηκαν λόγω χαμηλής τιμής PHRED	14	9	23
Σύνολο ‘καθαρών’ αλληλουχιών	34	39	73
Αλληλουχίες μετά την απομάκρυνση των ομολόγων	31	37	68
Επεξεργασία με λογισμικό BLAST	31	37	68

Στη συνέχεια παρουσιάζονται σε πίνακες τα αποτελέσματα της σύγκρισης των αποκτηθέντων ‘καθαρών’ αλληλουχιών με τις αλληλουχίες που είναι κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για νουκλεοτίδια (Blast-nt, Πίνακες 69 και 72), για ESTs (Blast-EST, Πίνακες 70 και 73) και για πρωτεΐνες (Blastx, Πίνακες 71 και 74).

**Πίνακας 69.** Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία 'Arbequina' με αλληλουχίες καταρθεμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-η).

Για κάθε αποικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ).

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράμψας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTη	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
1	987	<i>Vitis vinifera</i> pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta-like (LOC100256839), mRNA	82%	0.0	81%	<i>Vitis vinifera</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
4	850	<i>Vitis vinifera</i> laccase-14-like (LOC100254477), mRNA	85%	2,00E-83	70%	<i>Vitis vinifera</i>	laccase-14
7	1099	<i>Vitis vinifera</i> F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC100242432), mRNA	98%	0.0	82%	<i>Vitis vinifera</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
10	976	<i>Olea europaea</i> mRNA for beta-1,3-glucanase (glu-4 gene)	27%	1,00E-99	91%	<i>Olea europaea</i>	1,3-glucanase
		<i>Vitis vinifera</i> ATP synthase subunit O, mitochondrial-like, transcript variant 1 (LOC100241422), mRNA	36%	1,00E-68	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ATP synthase subunit O
		<i>Phaseolus vulgaris</i> clone BE3156 oligomycin sensitivity conferring protein mRNA, complete cds	35%	1,00E-47	73%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	oligomycin sensitivity conferring protein
16	1234	<i>Vitis vinifera</i> adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplast-like (LOC100245536), mRNA	21%	1,00E-68	82%	<i>Vitis vinifera</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
		<i>Castanea crenata</i> mRNA, microsatellite: PEB24, complete sequence	20%	4,00E-56	80%	<i>Castanea crenata</i>	microsatellite: PEB24
17	1183	<i>Zea mays</i> clone 423929 DNA-3-methyladenine glycosylase I mRNA, complete cds	3%	1,00E-04	88%	<i>Zea mays</i>	DNA-3-methyladenine glycosylase I
18	1016	<i>Vitis vinifera</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC100249755), mRNA	98%	0.0	77%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Populus trichocarpa</i> transcription factor-related family protein (POPTR_0007s04010g) mRNA, complete cds	98%	5,00E-123	70%	<i>Populus trichocarpa</i>	transcription factor
		<i>Solanum lycopersicum</i> strain Heinz 1706 chromosome 1 clone hba-60a6 map 1, complete sequence	78%	3,00E-19	82%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 1
21	1020	<i>Vitis vinifera</i> acidic mammalian chitinase-like, mRNA	76%	1,00E-66	68%	<i>Vitis vinifera</i>	acidic mammalian chitinase
25	1129	<i>Vitis vinifera</i> phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like, transcript variant 1 (LOC100267852), mRNA	99%	0.0	78%	<i>Vitis vinifera</i>	phosphatidylinositide phosphatase
		<i>Ricinus communis</i> suppressor of actin, putative, mRNA	99%	0.0	74%	<i>Ricinus communis</i>	suppressor of actin

Πίνακας 69. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
31	226	Malus domestica mRNA, microsatellite: MEST138, clone: FLW01_30_D06 Nicotiana tabacum ADH-like UDP-glucose dehydrogenase mRNA, complete cds Vitis vinifera alcohol dehydrogenase 1-like (LOC100250633), mRNA	28% 79% 68%	5,00E-60 2,00E-43 3,00E-36	76% 83% 83%	Malus domestica Nicotiana tabacum Vitis vinifera	microsatellite: MEST138 ADH-like UDP-glucose dehydrogenase alcohol dehydrogenase
33	309	Oryza sativa Japonica Group U box domain-containing protein mRNA, complete cds	77%	3,00E-81	88%	Oryza sativa	U box domain
36	410	Prunus persica histone variant H3.3 mRNA, complete cds Citrus sinensis clone H08 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial	76% 100%	2,00E-77 5,00E-175	88% 93%	Prunus persica Citrus sinensis	histone H3 ribosomal RNA gene
38	259	Ricinus communis ATP-dependent RNA helicase, putative, mRNA	86%	5,00E-46	79%	Ricinus communis	ATP-dependent RNA helicase
41	373	Solanum lycopersicum strain Heinz 1706 chromosome 10 clone sle-23g5 map 10, complete sequence Solanum lycopersicum strain Heinz 1706 chromosome 2 clone hba-11lj2 map 2, complete sequence Fragaria vesca subsp. vesca translationally-controlled tumor protein homolog (LOC101311180), mRNA Populus trichocarpa callus protein P23 (POPTR_0005s02470g) mRNA, complete cds	80% 80% 76% 77%	2,00E-33 2,00E-33 1,00E-80 2,00E-73	77% 77% 84% 82%	Solanum lycopersicum Solanum lycopersicum Fragaria vesca Populus trichocarpa	chromosome 10 chromosome 2 translationally controlled tumor protein callus protein
43	418	M. truncatula DNA sequence from clone MTH2-10C20 on chromosome 3, complete sequence Cucumis sativus lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like (LOC101210609), mRNA	22% 34%	2,00E-10 4,00E-05	77% 68%	Medicago truncatula Cucumis sativus	chromosome 3 lipoxigenase
46	360	Solanum lycopersicum membrane-bound O-acyltransferase domain-containing protein 2-like (LOC101249665), mRNA Solanum lycopersicum DNA, chromosome 8, clone: C08SLe0010M05, complete sequence	16% 16%	3,00E-13 3,00E-13	91% 91%	Solanum lycopersicum Solanum lycopersicum	membrane-bound O-acyltransferase chromosome 8
47	262	Nicotiana tabacum pathogenesis-related protein PR10 mRNA, complete cds Fragaria vesca subsp. vesca major allergen Pru ar 1-like, mRNA	22% 14%	1,00E-09 2,00E-06	87% 95%	Nicotiana tabacum Fragaria vesca	pathogenesis-related protein major allergen

Πίνακας 69. Συνέχεια

Αρ. αρθρικός	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκριναν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρα ή άλλη πληροφορία
		<i>Morus bombycis</i> 18 kD winter accumulating protein A mRNA, complete cds	24%	3,00E-05	78%	<i>Morus bombycis</i>	winter accumulating protein A
48	316	<i>Solanum lycopersicum</i> aldehyde oxidase (AO3), mRNA >gb AF258810.1 AF258810 <i>Lycopersicon esculentum</i> aldehyde oxidase (AO3) mRNA, complete cds	12%	4,00E-04	89%	<i>Solanum lycopersicum</i>	aldehyde oxidase
49	257	<i>Solanum lycopersicum</i> cv. Heinz 1706, chromosome 5, BAC clone C05HBa0261K11, complete sequence	22%	0.58	76%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 5
51	299	<i>Cicer arietinum</i> two pore calcium channel protein 1-like (LOC101493022), transcript variant X3, mRNA	48%	1,00E-10	79%	<i>Cicer arietinum</i>	two pore calcium channel protein 1
		<i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 4, complete genome	25%	1,00E-04	84%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 4
53	147	<i>Vitis vinifera</i> , whole genome shotgun sequence, contig VV78X140903.16, clone ENTAV 115	21%	6,00E-04	94%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Vernonia galamensis</i> type I diacylglycerol acyltransferase (DGAT1B) mRNA, complete cds	32%	0.085	79%	<i>Vernonia galamensis</i>	diacylglycerol acyltransferase
		<i>Jatropha curcas</i> Mn superoxide dismutase (MnSOD) mRNA, complete cds	25%	0.30	84%	<i>Jatropha curcas</i>	Mn superoxide dismutase
65	594	<i>Olea europaea</i> hypothetical protein mRNA, partial cds	69%	0.0	97%	<i>Olea europaea</i>	
		<i>Olea europaea</i> partial mRNA for putative bark storage protein (BSP gene), cultivar 18, clone SABS	72%	6,00E-50	71%	<i>Olea europaea</i>	bark storage protein
66	688	<i>Solanum tuberosum</i> probable 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic-like (LOC102580619), misc RNA	32%	3,00E-42	78%	<i>Solanum tuberosum</i>	6-phosphogluconolactonase 4
		<i>Populus trichocarpa</i> glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase family protein mRNA, complete cds	32%	2,00E-32	75%	<i>Populus trichocarpa</i>	lucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase
		<i>Solanum tuberosum</i> 40S ribosomal protein S16-like (LOC102600569), mRNA	14%	5,00E-26	88%	<i>Solanum tuberosum</i>	40S ribosomal protein S16
67	616	<i>Vitis vinifera</i> alpha-galactosidase (AGA), mRNA >gb EU543561.1  <i>Vitis vinifera</i> seed imbibition protein 1 (SIP1) mRNA, complete cds	99%	4,00E-160	81%	<i>Vitis vinifera</i>	alpha-galactosidase (AGA)
		<i>Solanum tuberosum</i> probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 2-like (LOC102600756), transcript variant X2, mRNA	99%	2,00E-156	80%	<i>Solanum tuberosum</i>	galactinol-sucrose galactosyltransferase 2

Πίνακας 69. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		<i>Persea americana</i> mRNA for putative seed imbibition protein	99%	5,00E-127	77%	<i>Persea americana</i>	seed imbibition protein
		<i>Ricinus communis</i> Stachyose synthase precursor, putative, mRNA	96%	2,00E-80	71%	<i>Ricinus communis</i>	stachyose synthase precursor
		<i>Arabidopsis thaliana</i> raffinose synthase mRNA, complete cds	93%	3,00E-73	71%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	raffinose synthase
71	565	<i>Brassica rapa</i> var. <i>perviridis</i> BrGA2ox2 mRNA for gibberellin 2-oxidase family protein, partial cds	7%	1,00E-07	93%	<i>Brassica rapa</i>	gibberellin 2-oxidase family protein
		<i>Nicotiana tabacum</i> NtVPE-2 mRNA for vacuolar processing enzyme-2 complete cds	9%	1,00E-07	88%	<i>Nicotiana tabacum</i>	vacuolar processing enzyme
73	830	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> uncharacterized LOC101314162 (LOC101314162), mRNA	34%	3,00E-30	71%	<i>Fragaria vesca</i>	
		<i>Solanum lycopersicum</i> wound induced protein (LOC544070), mRNA	32%	2,00E-12	66%	<i>Solanum lycopersicum</i>	wound induced protein
78	610	<i>Nicotiana tabacum</i> mRNA for putative cytosolic cysteine synthase 7 (oas7 gene)	67%	3,00E-135	86%	<i>Nicotiana tabacum</i>	cysteine synthase
		<i>Prunus persica</i> clone Contig1301 O-acetylserine acetyltransferase (OAS-TL) mRNA, complete cds	67%	3,00E-111	82%	<i>Prunus persica</i>	O-acetylserine acetyltransferase
81	510	<i>Solanum tuberosum</i> metacaspase-1-like, mRNA	80%	5,00E-101	80%	<i>Solanum tuberosum</i>	metacaspase-1
88	742	<i>Solanum tuberosum</i> probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 46-like (LOC102606045), mRNA	50%	4,00E-47	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	pectinesterase/pectinesterase inhibitor
		<i>Ricinus communis</i> Pectinesterase-3 precursor, putative, mRNA	54%	1,00E-40	70%	<i>Ricinus communis</i>	pectinesterase-3 precursor
89	674	<i>Vitis vinifera</i> probable transcription factor KAN2-like (LOC100250498), mRNA	88%	4,00E-147	79%	<i>Vitis vinifera</i>	transcription factor KAN2
		<i>Populus trichocarpa</i> myb family transcription factor family protein (POPTR_0001s02010g) mRNA, complete cds	95%	3,00E-104	73%	<i>Populus trichocarpa</i>	myb family transcription factor family protein
93	333	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> pyridoxal kinase-like (LOC101304704), mRNA	52%	2,00E-33	80%	<i>Fragaria vesca</i>	pyridoxal kinase
		<i>Vitis vinifera</i> 40S ribosomal protein S25-4-like (LOC100258834), mRNA	15%	1,00E-10	92%	<i>Vitis vinifera</i>	40S ribosomal protein S25



**Πίνακας 70.** Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία 'Arbequina' με αλληλουχίες καταρθεμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-EST).

Για κάθε ατοικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ).

Αρ. ατοικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράμμης Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δαα ή άλλη πληροφορία
1	987	Swingle citrumelo nematode-challenged root cDNA library - UCRCP01 Citrus x paradisi x Citrus trifoliata cDNA clone, mRNA sequence Poplar cDNA library from young opposite xylem Populus tremula x Populus alba cDNA 5', mRNA sequence Parent Washington Navel Orange Callus cDNA Library UCRCS08-1 Citrus sinensis cDNA clone, mRNA sequence	69%	0.0	82%	Swingle citrumelo	nematode-challenged root
		Poplar cDNA library from young opposite xylem Populus tremula x Populus alba cDNA 5', mRNA sequence	67%	0.0	82%	Populus tremula x Populus alba	young opposite xylem
		Parent Washington Navel Orange Callus cDNA Library	73%	0.0	80%	Citrus sinensis	callus
4	850	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Camellia sinensis drought suppression subtractive hybridization library Camellia sinensis cDNA similar to putative laccase, mRNA sequence	62%	4,00E-147	82%	Olea europaea	leaves and fruits
		Camellia sinensis drought suppression subtractive hybridization library Camellia sinensis cDNA similar to putative laccase, mRNA sequence	42%	4,00E-64	75%	Camellia sinensis	drought suppression subtractive hybridization library
7	1099	Seed of Late Development Stage Coffea canephora cDNA clone, mRNA sequence Panax ginseng in vitro-cultured adventitious root cDNA library Panax ginseng cDNA, mRNA sequence	70%	0.0	83%	Coffea canephora	seed of late development stage
		Panax ginseng in vitro-cultured adventitious root cDNA library	64%	0.0	83%	Panax ginseng	in vitro cultured adventitious root
10	976	Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence T. versicolor self root extracts forward SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence	27%	2,00E-100	91%	Olea europaea	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
		T. versicolor self root extracts forward SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence	36%	1,00E-84	80%	Triphysaria versicolor	self root extracts forward SSH library
16	1234	Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	24%	2,00E-88	85%	Mimulus guttatus	roots
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone, mRNA sequence	24%	2,00E-88	85%	Mimulus guttatus	roots
17	1183	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	71%	0.0	95%	Olea europaea	leaves and fruits
18	1016	Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Cabernet Sauvignon Flower bloom - CAB2 Vitis vinifera cDNA clone CAB20003 1a Fa_C09 5', mRNA sequence	58%	5,00E-153	81%	Triphysaria pusilla	root tip
		Cabernet Sauvignon Flower bloom - CAB2 Vitis vinifera cDNA clone CAB20003 1a Fa_C09 5', mRNA sequence	71%	4,00E-129	74%	Vitis vinifera	flower

Πίνακας 70. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρέα ή άλλη πληροφορία
21	1020	Arabidopsis thaliana Hormone Treated Callus Col-0 Arabidopsis thaliana cDNA clone GSLTPGH69ZD06 3PRIM. mRNA sequence Potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POAB252 5' end, mRNA sequence Roots treated with paraquat Pinus taeda cDNA clone RTPQ1_8_B04_A032 5', mRNA sequence Roots minus micronutrients Pinus taeda cDNA clone RTMNUT1_37_H04_A029 5', mRNA sequence Sweet lime leaf, infected with CILV Citrus limettioides cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	51%	1,00E-52	71%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	hormone treated callus
25	1129	Roots treated with paraquat Pinus taeda cDNA clone RTPQ1_8_B04_A032 5', mRNA sequence Roots minus micronutrients Pinus taeda cDNA clone RTMNUT1_37_H04_A029 5', mRNA sequence Sweet lime leaf, infected with CILV Citrus limettioides cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	78%	4,00E-65	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	abiotic stress
31	226	Roots treated with paraquat Pinus taeda cDNA clone RTPQ1_8_B04_A032 5', mRNA sequence Roots minus micronutrients Pinus taeda cDNA clone RTMNUT1_37_H04_A029 5', mRNA sequence Sweet lime leaf, infected with CILV Citrus limettioides cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	42%	4,00E-21	66%	<i>Pinus taeda</i>	roots treated with paraquat
33	309	Roots treated with paraquat Pinus taeda cDNA clone RTPQ1_8_B04_A032 5', mRNA sequence Roots minus micronutrients Pinus taeda cDNA clone RTMNUT1_37_H04_A029 5', mRNA sequence Sweet lime leaf, infected with CILV Citrus limettioides cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	38%	2,00E-17	66%	<i>Pinus taeda</i>	roots minus micronutrients
36	410	Roots treated with paraquat Pinus taeda cDNA clone RTPQ1_8_B04_A032 5', mRNA sequence Roots minus micronutrients Pinus taeda cDNA clone RTMNUT1_37_H04_A029 5', mRNA sequence Sweet lime leaf, infected with CILV Citrus limettioides cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Tobacco suppression subtractive hybridization cDNA library Nicotiana tabacum cDNA clone 2F-11 cDNA 5' similar to ADH-like UDP-glucose dehydrogenase, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Olea europaea flower Olea europaea cDNA clone c1-7-H9, mRNA sequence	62%	2,00E-139	76%	<i>Citrus limettioides</i>	leaf infected with CILV
38	259	Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Root tips Malus x domestica cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	77%	3,00E-58	90%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
41	373	Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Root tips Malus x domestica cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	79%	5,00E-43	83%	<i>Nicotiana tabacum</i>	tobacco suppression subtractive hybridization cDNA library
		Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Root tips Malus x domestica cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	100%	7,00E-151	99%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Root tips Malus x domestica cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	flower
		Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Root tips Malus x domestica cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	100%	0.0	94%	<i>Solanum lycopersicum</i>	suppression subtractive hybridization of <i>Phytophthora infestans</i> -challenged leaves
		Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Root tips Malus x domestica cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	95%	3,00E-123	100%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
		Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Root tips Malus x domestica cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	86%	2,00E-41	77%	<i>Malus domestica</i>	root tips
		Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Root tips Malus x domestica cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	80%	7,00E-95	86%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>

## Πίνακας 70. Συνέχεια

Αρ. αποκτάς	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράμψας Γονιδίων που προσέκωγαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δει ή άλλη πηροφορία
43	418	Up-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	98%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
46	360	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	98%	0.0	98%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
47	262	Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	15%	4,00E-09	88%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
48	316	<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CBPF12915 5', mRNA sequence	13%	1,00E-08	92%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
49	257	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	98%	5,00E-126	99%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
51	299	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	12%	1,00E-08	98%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
53	147	Walnut root infected with <i>Pratylenchus vulnus</i> <i>Juglans hindsi</i> x <i>Juglans regia</i> cDNA clone uca04q04 5', mRNA sequence	12%	2,00E-05	90%	<i>Juglans hindsi</i> x <i>Juglans regia</i>	root infected with <i>Pratylenchus vulnus</i>
65	594	<i>Glycine max</i> callus grown in dark condition <i>Glycine max</i> cDNA clone CCCC5551 5', mRNA sequence	15%	0.37	85%	<i>Glycine max</i>	callus grown in dark condition
66	688	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	72%	1,00E-21	71%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
66	688	<i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PNI62 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	69%	2,00E-12	69%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
66	688	Foxtail millet reverse subtracted cDNA library in response to dehydration stress <i>Setaria italica</i> cDNA clone CRST0_008085 5', mRNA sequence	39%	2,00E-06	85%	<i>Setaria italica</i>	reverse subtracted cDNA library in response to dehydration stress
66	688	<i>Vitis vinifera</i> cv. cabernet sauvignon Stem - CAST <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CAST0006 IIR_A08 3', mRNA sequence	26%	0.004	87%	<i>Vitis vinifera</i>	stem
66	688	<i>Olea europaea</i> cv. Leccino fruitlet <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	cv. Leccino fruitlet
66	688	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	32%	2,00E-111	100%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings

Πίνακας 70. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
67	616	<i>Olea europaea</i> cv. Leccino fruitlet <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence <i>Poncirus trifoliata</i> bark, infected with <i>Phytophthora parasitica</i> <i>Citrus trifoliata</i> cDNA, mRNA sequence	62% 99%	0.0 1,00E-157	99% 80%	<i>Olea europaea</i> <i>Citrus trifoliata</i>	cv. Leccino fruitlet bark infected with <i>Phytophthora parasitica</i>
71	565	LCM-dissected maize shoot apical meristem cDNA <i>Zea mays</i> cDNA, mRNA sequence Soybean induced by Salicylic Acid <i>Glycine max</i> cDNA 3', mRNA sequence	9% 9%	1,00E-11 2,00E-08	94% 88%	<i>Zea mays</i> <i>Glycine max</i>	shoot apical meristem salicylic acid
73	830	Oak tissue culture growing 1 hour in hypertonic medium <i>Quercus robur</i> cDNA 5', 3', mRNA sequence	34%	1,00E-31	72%	<i>Quercus robur</i>	tissue culture growing 1 hour in hypertonic medium
78	610	Phloem <i>Malus x domestica</i> cDNA clone ABMA001590, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	34% 80%	3,00E-28 0.0	71% 93%	<i>Malus domestica</i> <i>Olea europaea</i>	phloem leaves and fruits
81	510	Leaf Suppression Subtractive Hybridization cDNA Library of ivy <i>Hedera helix</i> cDNA clone 10H11, mRNA sequence <i>Nicotiana benthamiana</i> mixed tissue cDNA library, normalized, full-length <i>Nicotiana benthamiana</i> cDNA clone NBMB491 3' end, mRNA sequence	68% 80%	5,00E-125 3,00E-101	84% 80%	<i>Hedera helix</i> <i>Nicotiana benthamiana</i>	leaf Suppression Subtractive Hybridization cDNA library mixed tissue
88	742	Full-length enriched <i>Striga hermonthica</i> cDNA library <i>Striga hermonthica</i> cDNA clone SHAA-aaif68f10 3', mRNA sequence Soybean root hair subtracted cDNA library gmrhRww6 <i>Glycine max</i> cDNA, mRNA sequence	54% 35%	1,00E-44 4,00E-26	70% 71%	<i>Striga hermonthica</i> <i>Glycine max</i>	full-length enriched cDNA root hair
89	674	Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone WIN0515_H09 3', mRNA sequence (roots from <i>Solanum tuberosum</i> Shepody fertilized with nitrogen) <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone, mRNA sequence	88% 84%	1,00E-146 1,00E-82	79% 72%	<i>Vitis vinifera</i> <i>Solanum tuberosum</i>	flower, leaf and root roots fertilized with nitrogen
93	333	Phloem <i>Malus x domestica</i> cDNA clone ABMA006392, mRNA sequence <i>Triphysaria pusilla</i> normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence <i>Actimidia chinensis</i> - active meristems <i>Actimidia chinensis</i> cDNA clone KAWCC00666, mRNA sequence	30% 50% 47%	2,00E-41 3,00E-41 5,00E-33	79% 83% 81%	<i>Malus domestica</i> <i>Triphysaria pusilla</i> <i>Actimidia chinensis</i>	phloem root tip active meristems

**Πίνακας 71.** Σύγκριση των αλληλολογιών που εκφράζονται στην ποικιλία 'Arbequina' με αλληλολογίες καταρθεμένες στις διέθveis βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-x).

Για κάθε αμοικία δίνονται μερικές μόνο αλληλολογίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ).

Αρ. αμοικίας	Μήκος αλληλολογίας (bp)	Αλληλολογίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλολογίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δα η άλλη γληροφιλία
1	987	Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta isoform 1 [Theobroma cacao]	82%	1,00E-167	87%	<i>Theobroma cacao</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
4	850	hypothetical protein CICLE_v10014760mg [Citrus clementina]	82%	2,00E-164	86%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
7	1099	hypothetical protein M569_08258 [Genlisea aurea]	81%	1,00E-117	71%	<i>Genlisea aurea</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-14 [Vitis vinifera]	81%	4,00E-109	67%	<i>Vitis vinifera</i>	laccase-14
		conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	98%	0.0	93%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
		>gb EHEF29047.1	98%	0.0	92%	<i>Vitis vinifera</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Vitis vinifera]	98%	0.0	92%	<i>Vitis vinifera</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
10	976	hypothetical protein PRUPE_ppa010026mg [Prunus persica]	37%	4,00E-51	73%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: ATP synthase subunit O, mitochondrial-like [Solanum lycopersicum]	37%	2,00E-46	69%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ATP synthase subunit O
		PREDICTED: glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Glycine max]	27%	1,00E-38	77%	<i>Glycine max</i>	glucan endo-1,3-beta-glucosidase
		putative beta-1,3-glucanase [Prunus dulcis]	27%	2,00E-38	73%	<i>Prunus dulcis</i>	1,3-glucanase
16	1234	PREDICTED: adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic-like isoform X5 [Cicer arietinum]	25%	2,00E-42	83%	<i>Cicer arietinum</i>	adenine phosphoribosyltransferase
17	1183	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101246994 [Solanum lycopersicum]	30%	1,00E-59	73%	<i>Solanum lycopersicum</i>	uncharacterized protein
18	1016	PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1 [Vitis vinifera] >emb CB139821.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	99%	1,00E-175	76%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
21	1020	PREDICTED: acidic mammalian chitinase-like [Solanum tuberosum]	86%	4,00E-144	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	acidic mammalian chitinase
25	1129	PREDICTED: phosphatidylinositol phosphate SAC1-like isoform 1 [Vitis vinifera]	99%	0.0	80%	<i>Vitis vinifera</i>	phosphatidylinositol phosphate SAC1

Πίνακας 71. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		SAC domain-containing protein 8 isoform 2 [Theobroma cacao]	99%	0.0	77%	<i>Theobroma cacao</i>	SAC domain-containing protein 8
31	226	alcohol dehydrogenase 2 [Vitis vinifera] >gb AAG01382.1 AF194174_1 alcohol dehydrogenase 2 [Vitis vinifera]	69%	1,00E-26	92%	<i>Vitis vinifera</i>	alcohol dehydrogenase
		ADH-like UDP-glucose dehydrogenase [Nicotiana tabacum]	69%	2,00E-26	92%	<i>Nicotiana tabacum</i>	UDP-glucose dehydrogenase
33	309	Histone H3.3 [Arabidopsis thaliana] >ref NP_196659.1  histone H3.3 [Arabidopsis thaliana]	75%	4,00E-49	100%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	histone H3
36	410	hypothetical protein (mitochondrion) [Vicia faba]	84%	5,00E-43	71%	<i>Vicia faba</i>	hypothetical protein
		ATP synthase subunit alpha [Medicago truncatula]	76%	3,00E-33	84%	<i>Medicago truncatula</i>	ATP synthase subunit alpha
		chloroplast splicing factor CRS1-like protein [Arabidopsis thaliana] >sp Q9LF10.2 CRS1_ARATH RecName: Full=Chloroplastic group IIA intron splicing facilitator CRS1, chloroplastic; AltName: Full=Chloroplastic RNA splicing factor	32%	2,00E-04	38%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chloroplast splicing factor CRS1
		PREDICTED: valine-tRNA ligase-like [Cucumis sativus]	19%	3,00E-04	48%	<i>Cucumis sativus</i>	valine-tRNA ligase
38	259	PREDICTED: pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like [Vitis vinifera]	84%	2,00E-16	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ATP-dependent RNA helicase
41	373	translationally controlled tumor protein [Hevea brasiliensis] >gb AFM7714.1  TCTP.1 [Hevea brasiliensis]	74%	2,00E-39	95%	<i>Hevea brasiliensis</i>	translationally controlled tumor protein
43	418	PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Vitis vinifera]	61%	4,00E-32	65%	<i>Vitis vinifera</i>	lipoxigenase
		wound/stress protein precursor [Zea mays] >gb ACG33894.1  wound/stress protein [Zea mays]	45%	4,00E-19	54%	<i>Zea mays</i>	wound/stress protein precursor
		dehydration stress-induced protein [Arabidopsis thaliana]	44%	1,00E-18	58%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	dehydration stress-induced protein
46	360	PREDICTED: lysophospholipid acyltransferase 1-like [Solanum tuberosum]	15%	0.16	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	lysophospholipid acyltransferase
47	262	hypothetical protein CICLE_v10006102mg [Citrus clementina]	69%	2,00E-11	48%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		pathogenesis-related protein PR10 [Nicotiana tabacum]	69%	3,00E-11	42%	<i>Nicotiana tabacum</i>	pathogenesis-related protein

## Πίνακας 71. Συνέχεια

Αρ. οροκίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Πρόσεξας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορία
48	316	No significant similarity found					
49	257	No significant similarity found					
51	299	putative calcium channel [Arabidopsis thaliana] >gb AAD15312.1  putative calcium channel [Arabidopsis thaliana]	76%	1,00E-13	53%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	calcium channel protein
53	147	No significant similarity found					
65	594	PREDICTED: bark storage protein A-like [Vitis vinifera]	100%	1,00E-103	73%	<i>Vitis vinifera</i>	bark storage protein
		predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006381729.1  nucleosidase-related family protein [Populus trichocarpa]	100%	5,00E-103	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	nucleosidase-related family protein
		Phosphorylase superfamily protein [Theobroma cacao]	100%	2,00E-99	68%	<i>Theobroma cacao</i>	phosphorylase superfamily protein
		putative bark storage protein, partial [Olea europaea]	71%	2,00E-98	98%	<i>Olea europaea</i>	bark storage protein
66	688	PREDICTED: probable 6-phosphoglucanlactonase 4, chloroplastic-like [Solanum lycopersicum]	35%	5,00E-26	78%	<i>Solanum lycopersicum</i>	probable 6-phosphoglucanlactonase
		glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase family protein [Populus trichocarpa]	32%	5,00E-21	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase
		NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein [Theobroma cacao]	32%	2,00E-20	71%	<i>Theobroma cacao</i>	NagB/RpiA/CoA transferase
67	616	hypothetical protein POPTR_0016s05500g [Populus trichocarpa]	99%	1,00E-140	90%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds, putative [Ricinus communis]	99%	2,00E-137	90%	<i>Ricinus communis</i>	hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
		alkaline alpha galactosidase family protein [Populus trichocarpa]	99%	1,00E-136	90%	<i>Populus trichocarpa</i>	alpha galactosidase
		putative galactinol-sucrose galactosyltransferase 2 [Arabidopsis thaliana]	99%	4,00E-134	87%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	galactinol-sucrose galactosyltransferase
71	565	hypothetical protein PRUPE_ppa013785mg [Prunus persica]	51%	1,00E-07	44%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
73	830	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100777261 [Glycine max]	33%	3,00E-29	62%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		putative wound-induced protein [Prunus dulcis]	34%	2,00E-24	58%	<i>Prunus dulcis</i>	wound-induced protein

Πίνακας 71. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
78	610	O-acetylserine(thiol)-lyase [Sesamum indicum] hypothetical protein PRUPE_ppa008606mg [Prunus persica] cysteine synthase [Glycine max]	64% 64% 64%	3,00E-68 5,00E-68 2,00E-67	92% 92% 89%	<i>Sesamum indicum</i> <i>Prunus persica</i> <i>Glycine max</i>	O-acetylserine(thiol)-lyase hypothetical protein cysteine synthase
81	510	PREDICTED: metacaspase-1-like [Solanum tuberosum] hypothetical protein POPTR_0012s11420g [Populus trichocarpa]	81% 81%	1,00E-49 5,00E-47	88% 86%	<i>Solanum tuberosum</i> <i>Populus trichocarpa</i>	metacaspase hypothetical protein
88	742	PREDICTED: metacaspase-1 [Vitis vinifera] >emb CB138552.3  unnamed protein product [Vitis vinifera] PREDICTED: probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 46-like [Solanum tuberosum]	81% 56%	2,00E-44 1,00E-54	83% 63%	<i>Vitis vinifera</i> <i>Solanum tuberosum</i>	metacaspase pectinesterase/pectinesterase inhibitor
89	674	PREDICTED: probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 46-like [Vitis vinifera] PREDICTED: probable transcription factor KAN2-like [Vitis vinifera]	56% 88%	1,00E-52 4,00E-87	63% 74%	<i>Vitis vinifera</i> <i>Vitis vinifera</i>	pectinesterase/pectinesterase inhibitor transcription factor KAN2
93	333	Homeodomain-like superfamily protein isoform 1 [Theobroma cacao] myb family transcription factor family protein [Populus trichocarpa] hypothetical protein CARUB_v10005125mg [Capsella rubella]	87% 87% 74%	1,00E-86 3,00E-77 5,00E-26	77% 71% 64%	<i>Theobroma cacao</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Capsella rubella</i>	homeodomain-like superfamily protein myb family transcription factor hypothetical protein
		PREDICTED: pyridoxal kinase-like [Solanum lycopersicum]	52%	3,00E-24	83%	<i>Solanum lycopersicum</i>	pyridoxal kinase
		PfKB-like carbohydrate kinase family protein isoform 2 [Theobroma cacao]	46%	5,00E-24	90%	<i>Theobroma cacao</i>	carbohydrate kinase family protein



**Πίνακας 72.** Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία 'Καλαμών' με αλληλουχίες καταρτισμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-η).

Για κάθε αμοικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ).

Αρ. αμοικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράμμης Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTη	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δαα ή άλλη πληροφορία
98	990	<i>Nicotiana tabacum</i> ribosomal protein L3B (RPL3B) mRNA, complete cds	70%	0.0	83%	<i>Nicotiana tabacum</i>	ribosomal protein L3B
99	1326	<i>Vitis vinifera</i> NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase-like (LOC100243586), mRNA	69%	4,00E-151	73%	<i>Vitis vinifera</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		<i>Ricinus communis</i> aldo-keto reductase, putative, mRNA	66%	1,00E-150	74%	<i>Ricinus communis</i>	aldo-keto reductase
		<i>Arabidopsis thaliana</i> putative mannose-6P reductase mRNA, complete cds	62%	2,00E-129	73%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	mannose-6P reductase
		<i>Pyrus communis</i> strain Heinz 1706 chromosome 1 clone hba-128j14 map 1, complete sequence	68%	2,00E-35	76%	<i>Pyrus communis</i>	chromosome 1
100	1097	<i>Olea europaea</i> putative glucosyltransferase mRNA, partial cds	37%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	glucosyltransferase
		<i>Solanum tuberosum</i> anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase 1-like (LOC102585382), mRNA	92%	4,00E-99	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase 1
		<i>Populus trichocarpa</i> INDOLE-3-ACETATE BETA-D-GLUCOSYLTRANSFERASE family protein (POPTR_0002s23760g) mRNA, complete cds	53%	2,00E-40	67%	<i>Populus trichocarpa</i>	indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase family protein
		<i>Pyrus communis</i> UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase mRNA, complete cds	54%	2,00E-14	64%	<i>Pyrus communis</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
101	1473	<i>Vitis vinifera</i> protein pelota-like (LOC100256390), mRNA	77%	0.0	79%	<i>Vitis vinifera</i>	pelota
103	1183	<i>Solanum tuberosum</i> probable transcriptional regulatory protein At2g25830-like (LOC102592508), transcript variant X1, mRNA	81%	3,00E-159	73%	<i>Solanum tuberosum</i>	transcriptional regulatory protein
		<i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 2, complete sequence	51%	4,00E-36	75%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 2
107	1288	<i>Chionanthus retusus</i> clone SvcCHR_24 microsatellite sequence	8%	2,00E-08	74%	<i>Chionanthus retusus</i>	24 microsatellite
		<i>Olea europaea</i> var. <i>sylvestris</i> clone W3 N1A gene, intron 3	8%	5,00E-04	74%	<i>Olea europaea</i>	
108	1029	<i>Solanum tuberosum</i> regulator of nonsense transcripts UPF3-like (LOC102586824), mRNA	97%	0.0	75%	<i>Solanum tuberosum</i>	regulator of nonsense transcripts UPF3

Πίνακας 72. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
109	1158	<i>Solanum lycopersicum</i> putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC101251966), mRNA <i>Solanum tuberosum</i> ubiquitin receptor RAD23b-like (LOC102593740), mRNA <i>Ricinus communis</i> uv excision repair protein rad23, putative, mRNA	82% 80% 45%	1,00E-170 4,00E-169 1,00E-42	74% 74% 70%	<i>Solanum lycopersicum</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Ricinus communis</i>	DNA repair protein RAD23 ubiquitin receptor RAD23 uv excision repair protein rad23
110	1071	<i>Solanum lycopersicum</i> tetraspanin-19-like, transcript variant 3 (LOC101262238), mRNA <i>Vitis vinifera</i> UDP-glycosyltransferase 79B6-like (LOC100250250), mRNA	63% 29%	1,00E-125 2,00E-51	75% 75%	<i>Solanum lycopersicum</i> <i>Vitis vinifera</i>	tetraspanin-19 UDP-glycosyltransferase
118	1120	<i>Vitis vinifera</i> DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like (LOC100251060), mRNA	65%	4,00E-131	74%	<i>Vitis vinifera</i>	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3
122	923	<i>Vitis vinifera</i> homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like, transcript variant 1 (LOC100260057), mRNA	99%	0.0	82%	<i>Vitis vinifera</i>	homeobox-leucine zipper protein ATHB-15
125	1010	<i>Ricinus communis</i> DNA binding protein, putative, mRNA	99%	0.0	80%	<i>Ricinus communis</i>	DNA binding protein
126	601	<i>Vitis vinifera</i> ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like (LOC100246670), mRNA	54%	3,00E-139	80%	<i>Vitis vinifera</i>	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial
127	1100	<i>Solanum lycopersicum</i> chromosome 12 clone LE_HBa-12E19, complete sequence <i>Solanum tuberosum</i> protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1-like (LOC102597810), mRNA	20% 20%	2,00E-23 1,00E-21	81% 80%	<i>Solanum lycopersicum</i> <i>Solanum tuberosum</i>	chromosome 12 protein brassinazole-resistant
129	384	<i>Vitis vinifera</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC100253661), mRNA	36%	3,00E-56	73%	<i>Vitis vinifera</i>	pentatricopeptide repeat-containing protein
130	394	<i>Nicotiana tabacum</i> mitochondrial DNA, complete genome	100%	0.0	99%	<i>Nicotiana tabacum</i>	mitochondrial DNA
131	307	<i>Cinnamodendron ekmanii</i> large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial	100%	0.0	99%	<i>Cinnamodendron ekmanii</i>	ribosomal RNA
132	949	<i>Glycine max</i> uncharacterized protein LOC100790769, mRNA <i>Plantago major</i> mRNA for histin H3 (hh3a gene) <i>Nicotiana tabacum</i> ribosomal protein L3A (RPL3A) mRNA, complete cds	16% 27% 96%	3,00E-07 2,00E-20 0.0	81% 88% 86%	<i>Glycine max</i> <i>Plantago major</i> <i>Nicotiana tabacum</i>	uncharacterized protein histin H3 ribosomal protein L3A

## Πίνακας 72. Συνέχεια

Αρ. οσπίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορία
138	405	Solanum tuberosum inorganic phosphate transporter 1-4-like (LOC102589908), mRNA	95%	2,00E-86	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	inorganic phosphate transporter 1-4
139	225	<i>Vitis vinifera</i> 40S ribosomal protein S15-like, transcript variant 2 (LOC100256302), mRNA	76%	4,00E-46	84%	<i>Vitis vinifera</i>	40S ribosomal protein S15
142	294	<i>Vitis vinifera</i> ethylene-insensitive protein 2-like (LOC100256742), mRNA	100%	1,00E-55	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ethylene-insensitive protein
		<i>Prunus persica</i> ethylene signaling protein (EIN2) mRNA, partial cds	99%	4,00E-48	75%	<i>Prunus persica</i>	ethylene signaling protein
143	340	<i>Solanum tuberosum</i> 60S ribosomal export protein NMD3-like (LOC102587719), mRNA	46%	1,00E-35	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	
148	359	<i>Solanum tuberosum</i> cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl-like (LOC102598408), mRNA	42%	3,00E-31	81%	<i>Solanum tuberosum</i>	cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl
		<i>Populus trichocarpa</i> iron hydrogenase family protein (POPTR_0006s01800g) mRNA, complete cds	40%	3,00E-25	78%	<i>Populus trichocarpa</i>	iron hydrogenase
151	195	<i>Vaccinium dunalianum</i> anthocyanin 5-aromatic acyltransferase (AT3) mRNA, complete cds	97%	2,00E-17	73%	<i>Vaccinium dunalianum</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
155	418	Genomic sequence for <i>Arabidopsis thaliana</i> BAC F2J19 from chromosome I, complete sequence	48%	2,00E-46	81%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome I
		<i>Glycine max</i> T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC100817323), mRNA	48%	3,00E-45	81%	<i>Glycine max</i>	T-complex protein 1 subunit epsilon
162	508	<i>Vitis vinifera</i> 60S ribosomal protein L31-like (LOC100855296), mRNA	62%	4,00E-83	83%	<i>Vitis vinifera</i>	60S ribosomal protein L31
		<i>Castanea crenata</i> mRNA, microsatellite: PEAS, complete seq	61%	4,00E-76	81%	<i>Castanea crenata</i>	microsatellite: PEAS
166	694	<i>Vitis vinifera</i> ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1D-like, transcript variant 4 (LOC100244148), mRNA	38%	3,00E-79	85%	<i>Vitis vinifera</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
173	839	<i>Olea europaea</i> calcium-binding protein (PCAI8) mRNA, complete cds	49%	4,00E-66	74%	<i>Olea europaea</i>	calcium-binding protein
174	740	<i>Vitis vinifera</i> ripening-related protein-like (GRIP68), mRNA >embAJ237987.1  <i>Vitis vinifera</i> mRNA for putative ripening-related protein (grip68 gene)	8%	0.004	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ripening-related protein
		<i>Pyrus pyrifolia</i> expansin 3 mRNA, complete cds	7%	0.043	79%	<i>Pyrus pyrifolia</i>	expansin 3

Πίνακας 72. Συνέχεια

Αρ. αποκτίσας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
177	690	<i>Solanum tuberosum</i> uncharacterized LOC102599997 (LOC102599997), transcript variant X2, mRNA	40%	1,00E-26	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	transcript variant X2
178	858	<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0021s00760g) mRNA, complete cds <i>Perilla frutescens</i> phenylalanine ammonia-lyase (PAL) mRNA, complete cds	18%	4,00E-08	71%	<i>Populus trichocarpa</i> <i>Perilla frutescens</i>	hypothetical protein phenylalanine ammonia-lyase
180	494	<i>Prunus persica</i> phenylalanine ammonia lyase (PAL) mRNA, complete cds <i>Vitis vinifera</i> transcription factor GTE8-like (LOC100261067), mRNA	82%	1,00E-156	78%	<i>Prunus persica</i>	phenylalanine ammonia-lyase
181	541	<i>Solanum tuberosum</i> formin-J-like (LOC102598054), mRNA	19%	2,00E-05	73%	<i>Vitis vinifera</i>	transcription factor GTE8
187	491	<i>Solanum tuberosum</i> formin-J-like (LOC102598054), mRNA <i>Verbena hybrida</i> quercetin 3-O-glucoside-6'-O-malonyltransferase (3MaT1) mRNA, complete cds <i>Solanum tuberosum</i> anthocyanin 5-aromatic acyltransferase-like (LOC102603382), mRNA	43%	4,00E-07	66%	<i>Solanum tuberosum</i>	formin
189	918	<i>Vitis vinifera</i> malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase-like (LOC100256273), mRNA	32%	8,00E-22	75%	<i>Verbena hybrida</i>	quercetin 3-O-glucoside-6'-O-malonyltransferase
190	651	<i>Solanum tuberosum</i> RNA-binding protein NOB1-like (LOC102598034), mRNA	29%	5,00E-05	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
191	570	<i>Vitis vinifera</i> malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase-like (LOC100256273), mRNA <i>Striga asiatica</i> isolate St513 S phase protein mRNA, partial cds <i>Solanum tuberosum</i> clone 135C12 40S ribosomal protein S3a-like protein mRNA, complete cds <i>Solanum tuberosum</i> RNA-binding protein NOB1-like (LOC102598034), mRNA <i>Gossypium hirsutum</i> NAC domain protein NAC4 (NAC4) gene, complete cds <i>Vitis vinifera</i> , whole genome shotgun sequence, contig VV78X173129.8, clone ENTAV 115	43%	0.002	67%	<i>Vitis vinifera</i>	malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
			62%	0.0	85%	<i>Striga asiatica</i>	phase protein
			67%	1,00E-169	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	ribosomal protein S3a
			80%	2,00E-101	76%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA-binding protein NOB1
			27%	2,00E-17	74%	<i>Gossypium hirsutum</i>	NAC domain protein
			13%	2,00E-04	78%	<i>Vitis vinifera</i>	

**Πίνακας 73.** Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Καλαμών’ με αλληλουχίες καταρθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-EST).

Για κάθε αμοικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ).

Αρ. αμοικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορία
98	990	Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEAAS1YC11CML, mRNA sequence Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWCC01092, mRNA sequence	52%	0.0	97%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
99	1326	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	65%	0.0	84%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
100	1097	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Tomato callus, TAMU Solanum lycopersicum cDNA clone cLEC11D5 similar to UDP-glucose:anthocyanin 5-O-glucosyltransferase, putative, mRNA sequence Root suppression subtractive hybridization cDNA library of Nicotiana tabacum cDNA clone 6C8, mRNA sequence	65%	0.0	95%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
101	1473	Cherry of Early Development Stage Coffea canephora cDNA clone cccwc22w21e5 5', mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) Mimulus guttatus cDNA clone CBPG1772 5', mRNA sequence	81%	0.0	94%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
103	1183	Cell culture from Argemone mexicana Argemone mexicana cDNA, mRNA sequence An expressed sequence tag database for abiotic stressed leaves of Vitis vinifera var. Chardonnay Vitis vinifera cDNA clone VVB209F08 5, mRNA sequence	54%	2,00E-76	71%	<i>Solanum lycopersicum</i>	callus
107	1288	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence One-month old Olive (Olea europaea) cv. Koroneiki seedlings library Olea europaea cDNA, mRNA sequence Soybean induced by Salicylic Acid Glycine max cDNA 3', mRNA sequence	29%	2,00E-30	70%	<i>Nicotiana tabacum</i>	root suppression subtractive hybridization
108	1029	Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	60%	0.0	83%	<i>Coffea canephora</i>	cherry of early development stage
			47%	0.0	83%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
			43%	1,00E-129	81%	<i>Argemone mexicana</i>	cell culture
			49%	1,00E-117	77%	<i>Vitis vinifera</i>	abiotic stressed leaves
			26%	2,00E-39	77%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
			16%	4,00E-16	70%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
			2%	0.59	91%	<i>Glycine max</i>	salicylic acid
			35%	3,00E-111	85%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip

Πίνακας 73. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	38%	2,00E-95	81%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
109	1158	Citrus clementina cDNA clone IC0AAA22BA04, mRNA seq Potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POADF79 5' end, mRNA sequence Nicotiana tabacum petit havana SR1 symmetric two-celled proembryo suppression subtractive cDNA library Nicotiana tabacum cDNA, mRNA sequence	38% 79% 67%	5,00E-89 1,00E-166 3,00E-163	79% 75% 77%	<i>Citrus clementina</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Nicotiana tabacum</i>	abiotic stress symmetric two-celled proembryo suppression subtractive cDNA library
110	1071	Parent Washington Navel Orange Callus cDNA Library UCRCS08-2 Citrus sinensis cDNA clone UCRCS08-19A01-B1-1-4.b, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	42% 66%	3,00E-124 0.0	80% 95%	<i>Citrus sinensis</i> <i>Olea europaea</i>	callus leaves and fruits
118	1120	<i>Olea europaea</i> cv. Leccino fruitlet Olea europaea cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	64% 57%	1,00E-161 0.0	79% 93%	<i>Olea europaea</i> <i>Olea europaea</i>	cv. Leccino fruitlet leaves and fruits
		Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) Vitis vinifera cDNA clone WIN0528 H21 3', mRNA sequence Quercus robur one year old cuttings Quercus robur cDNA clone WZ0AQRAL2YE07FM1, mRNA sequence	62% 37%	5,00E-121 4,00E-97	74% 79%	<i>Vitis vinifera</i> <i>Quercus robur</i>	flower, leaf and root one year old cuttings
122	923	KCl Salt Citrus reshni cDNA clone KN0AALIDE01, mRNA seq	85%	0.0	81%	<i>Citrus reshni</i>	
125	1010	Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCJC25867 5', mRNA sequence	53%	5,00E-153	83%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
126	601	Library from leaves trichomes of Salvia fruticosa Salvia fruticosa cDNA clone Salviafruticosa 04 F20 T7 5', mRNA sequence	24%	4,00E-31	82%	<i>Salvia fruticosa</i>	leaves trichomes
		Potato roots Solanum tuberosum cDNA clone cPRO5O22 5' end, mRNA sequence	20%	3,00E-20	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	roots
127	1100	Diurnal library Nicotiana tabacum cDNA clone nt005201079, mRNA sequence	35%	1,00E-58	74%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
129	384	<i>Olea europaea</i> flower Olea europaea cDNA clone c1-5-D11, mRNA sequence	100%	0.0	100%	<i>Olea europaea</i>	flower

Πίνακας 73. Συνέχεια

Αρ. οσφικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γρίπης της Γωνιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		SSH cDNA library of tea callus induced by freezing stress <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone L2CD5, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Camellia sinensis</i>	callus induced by freezing stress
130	394	Glycine max cDNA clone GMFL01 -33-NI 5 3', mRNA sequence	16%	5,00E-08	83%	<i>Glycine max</i>	
131	307	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	96%	9,00E-137	95%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Down-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	65%	2,00E-94	99%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
132	949	<i>Nicotiana tabacum</i> cDNA clone KG9B.001K11, mRNA sequence	91%	0.0	87%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
138	405	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	87%	1,00E-98	83%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		In vitro Root <i>Solanum tuberosum</i> cDNA, mRNA sequence	95%	2,00E-84	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	In vitro root
139	225	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	64%	3,00E-58	96%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		Tender roots cDNA library of tea plant <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone 08012802-OUYI CHAG 39_31.MI3+ G04, mRNA seq	69%	3,00E-46	87%	<i>Camellia sinensis</i>	tender roots
142	294	Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone WIN0545 G17 3', mRNA sequence	100%	2,00E-55	77%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
143	340	Normalized full-length tobacco cDNA library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA clone TBK02GR0100_3_H02 5', mRNA sequence	46%	2,00E-44	86%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
		Suspension culture <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone 59074 5', mRNA sequence	46%	3,00E-35	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	suspension culture
148	359	<i>Poncirus trifoliata</i> CTV-challenged cDNA library - UCRPT01-UCR2 <i>Citrus trifoliata</i> cDNA clone UCRPT01, mRNA sequence	41%	1,00E-28	80%	<i>Poncirus trifoliata</i>	
151	195	<i>Nicotiana benthamiana</i> cDNA, mRNA sequence	97%	4,00E-24	73%	<i>Nicotiana benthamiana</i>	
155	418	<i>Prunus persica</i> cDNA clone PPN067E05, mRNA sequence	46%	2,00E-51	84%	<i>Prunus persica</i>	
162	508	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	73%	2,00E-135	88%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings

Πίνακας 73. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
166	694	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	60%	0.0	96%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings leaves and fruits
173	839	<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC19574 3', mRNA sequence	51%	1,00E-64	73%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
174	740	<i>Castanea mollissima</i> cDNA, mRNA sequence	10%	2,00E-09	78%	<i>Castanea mollissima</i>	
177	690	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	58%	8,00E-110	87%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
178	858	<i>Ocimum basilicum</i> cDNA clone OB_MEa0001 C23 3', mRNA seq	79%	0.0	81%	<i>Ocimum basilicum</i>	
180	494	Potato abiotic stress cDNA library <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone POADM05 5' end, mRNA sequence	84%	4,00E-153	77%	<i>Solanum tuberosum</i>	abiotic stress
181	541	<i>Panax ginseng</i> in vitro-cultured adventitious root cDNA library <i>Panax ginseng</i> cDNA, mRNA sequence	21%	3,00E-19	81%	<i>Panax ginseng</i>	<i>in vitro</i> cultured adventitious root
187	491	<i>Solanum tuberosum</i> cv. Yungay adult leaf, normalized <i>Solanum tuberosum</i> subsp. andigenum cDNA, mRNA sequence	46%	5,00E-29	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	adult leaf
189	918	<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA49YP09CMI, mRNA sequence	80%	2,00E-166	93%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
190	651	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	84%	0.0	88%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
191	570	<i>Olea europaea</i> cv. Leccino fruitlet <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	77%	0.0	90%	<i>Olea europaea</i>	cv. Leccino fruitlet
		<i>Ipomoea nil</i> shoot 8-days old seedling <i>Ipomoea nil</i> cDNA clone jmsf4c24 5', mRNA sequence	74%	3,00E-103	78%	<i>Ipomoea nil</i>	shoot 8-days old seedling
		Swingle citrumelo nematode-challenged root cDNA library - UCRCP01 Citrus x paradisi x Citrus trifoliata cDNA clone UCRCP01_038_T3_A07, mRNA sequence	74%	5,00E-62	71%	<i>Citrus paradisi</i> x <i>Citrus trifoliata</i>	nematode-challenged root
		One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	32%	1,00E-80	95%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		<i>Fagus crenata</i> inner bark cDNA library <i>Fagus crenata</i> cDNA clone Fc_TUM08_06D05, mRNA sequence	27%	2,00E-15	74%	<i>Fagus crenata</i>	inner bark



**Πίνακας 74.** Σύγκριση των αλληλολογιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Καλαμών’ με αλληλολογίες καταρθεμμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-x).

Για κάθε ατοικία δίνονται μερικές μόνο αλληλολογίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ).

Αρ. ατοικίας	Μήκος αλληλολογίας (bp)	Αλληλολογίες της Γράμμης Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλολογίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δα ή άλλη πληροφορία
98	990	hypothetical protein PRUPE_ppa006946mg [Prunus persica] PREDICTED: 60S ribosomal protein L3 [Vitis vinifera] >emb CB129701.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	70%	3,00E-160	95%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
99	1326	PREDICTED: NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase [Vitis vinifera] >emb CB137980.3  unnamed protein product [Vitis vinifera] putative mannose-6P reductase [Arabidopsis thaliana] >gb AAD23674.1  putative NADPH dependent mannose 6-phosphate reductase [Arabidopsis thaliana]	69%	2,00E-165	74%	<i>Vitis vinifera</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
100	1097	glucosyltransferase [Nicotiana tabacum] PREDICTED: anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase-like [Solanum tuberosum] Indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase family protein [Populus trichocarpa] >gb ABK96313.1  unknown [Populus trichocarpa x Populus deltoides] UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase [Pyrus communis]	91%	1,00E-143	63%	<i>Nicotiana tabacum</i>	glucosyltransferase
101	1473	PREDICTED: protein pelota-like [Solanum tuberosum]	76%	0.0	89%	<i>Solanum tuberosum</i>	pelota
103	1183	PREDICTED: probable transcriptional regulatory protein At2g25830-like isoform X4 [Solanum tuberosum] YebC-related isoform 1 [Theobroma cacao]	74%	2,00E-65	60%	<i>Solanum tuberosum</i>	transcriptional regulatory protein
107	1288	PREDICTED: translation factor GUF1 homolog, mitochondrial-like [Setaria italica]	17%	7.6	30%	<i>Setaria italica</i>	translation factor GUF1
108	1029	hypothetical protein PRUPE_ppa004923mg [Prunus persica] PREDICTED: regulator of nonsense transcripts UPF3-like [Solanum tuberosum]	96%	1,00E-118	63%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
			100%	2,00E-115	65%	<i>Solanum tuberosum</i>	regulator of nonsense transcripts

Πίνακας 74. Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
109	1158	PREDICTED: putative DNA repair protein RAD23-1-like [Fragaria vesca subsp. vesca] Rad23 UV excision repair protein family isoform 1 [Theobroma cacao]	81%	1,00E-127	68%	<i>Fragaria vesca</i>	DNA repair protein
110	1071	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100815033 [Glycine max]	63%	5,00E-68	66%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
118	1120	UDP rhamnose-anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase-like protein [Arabidopsis thaliana]	39%	1,00E-42	59%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	UDP rhamnose-anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase
122	923	DEAD box RNA helicase isoform 1 [Theobroma cacao] DNA binding protein, putative [Ricinus communis] >gb EEF46397.1 DNA binding protein, putative [Ricinus communis]	64%	1,00E-73	66%	<i>Theobroma cacao</i>	DEAD box RNA helicase
125	1010	PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like isoform 1 [Vitis vinifera] PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial [Solanum tuberosum]	99%	0.0	85%	<i>Ricinus communis</i>	DNA binding protein
126	601	PREDICTED: protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1-like [Solanum tuberosum] Brassinosteroid signaling positive regulator family protein [Theobroma cacao]	50%	1,00E-96	86%	<i>Vitis vinifera</i>	homeobox-leucine zipper protein ATHB-15
127	1100	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like [Vitis vinifera] hypothetical protein CICLE_v10033899mg [Citrus clementina] hypothetical protein PHAVU_011G075000g [Phaseolus vulgaris]	28%	2,00E-15	62%	<i>Solanum tuberosum</i>	ATP synthase subunit gamma
129	384	Cell wall-associated hydrolase [Medicago truncatula] unknown [Medicago truncatula] histone H3, partial [Zea mays]	28%	3,00E-15	64%	<i>Solanum tuberosum</i>	protein brassinazole-resistant
130	394		39%	5,00E-65	73%	<i>Theobroma cacao</i>	brassinosteroid signaling positive regulator
131	307		39%	1,00E-63	71%	<i>Vitis vinifera</i>	pentatricopeptide repeat-containing protein
			30%	5,00E-19	100%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
			40%	3,00E-04	67%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	hypothetical protein
			15%	0.062	80%	<i>Medicago truncatula</i>	cell wall-associated hydrolase
			37%	4,00E-10	79%	<i>Medicago truncatula</i>	unknown
						<i>Zea mays</i>	histone H3

## Πίνακας 74. Συνέχεια

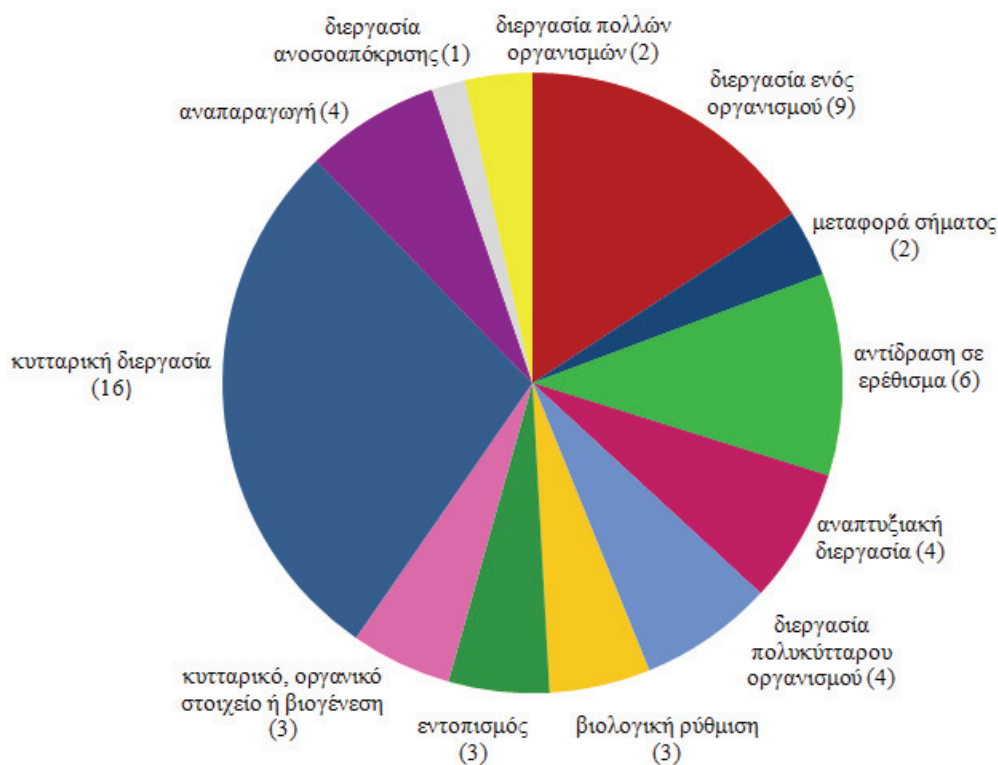
Αρ. οσφικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τρόπεζας Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορία
		hypothetical protein CICLE_v10017848mg [Citrus clementina]	25%	2,00E-09	100%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
132	949	ribosomal protein L3 [Solanum lycopersicum]	94%	0.0	95%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ribosomal protein L3
138	405	PREDICTED: inorganic phosphate transporter 1-4-like [Solanum tuberosum]	94%	3,00E-60	86%	<i>Solanum tuberosum</i>	inorganic phosphate transporter
139	225	PREDICTED: 40S ribosomal protein S15-like isoform 2 [Fragaria vesca subsp. vesca]	64%	4,00E-30	98%	<i>Fragaria vesca</i>	40S ribosomal protein S15
		hypothetical protein PRUPE_ppa012840mg [Prunus persica]	64%	4,00E-30	98%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
142	294	EIN2-like protein, nramp transporter [Populus trichocarpa]	98%	3,00E-35	81%	<i>Populus trichocarpa</i>	nramp transporter
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like [Vitis vinifera]	98%	2,00E-32	76%	<i>Vitis vinifera</i>	ethylene-insensitive protein
		ethylene signalling protein [Prunus persica]	98%	5,00E-31	71%	<i>Prunus persica</i>	ethylene signalling protein
143	340	PREDICTED: 60S ribosomal export protein NMD3-like isoform 1 [Solanum lycopersicum]	45%	2,00E-24	85%	<i>Solanum lycopersicum</i>	60S ribosomal export protein
		Nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein isoform 1 [Theobroma cacao]	56%	2,00E-19	61%	<i>Theobroma cacao</i>	nonsense-mediated mRNA decay protein
148	359	iron hydrogenase family protein [Populus trichocarpa]	40%	1,00E-21	82%	<i>Populus trichocarpa</i>	iron hydrogenase family protein
		PREDICTED: cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl-like [Solanum tuberosum]	40%	1,00E-21	84%	<i>Solanum tuberosum</i>	cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl
151	195	PREDICTED: BAHD acyltransferase DCR-like [Solanum lycopersicum]	98%	1,00E-11	66%	<i>Solanum lycopersicum</i>	BAHD acyltransferase
		Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, putative [Ricinus communis]	96%	1,00E-10	63%	<i>Ricinus communis</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
155	418	PREDICTED: T-complex protein 1 subunit epsilon-like [Glycine max]	48%	2,00E-35	94%	<i>Glycine max</i>	T-complex protein
162	508	PREDICTED: 60S ribosomal protein L31-1-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	60%	2,00E-60	91%	<i>Fragaria vesca</i>	60S ribosomal protein L31
166	694	PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	39%	3,00E-50	83%	<i>Fragaria vesca</i>	ubiquitin-conjugating enzyme

Πίνακας 74. Συνέχεια

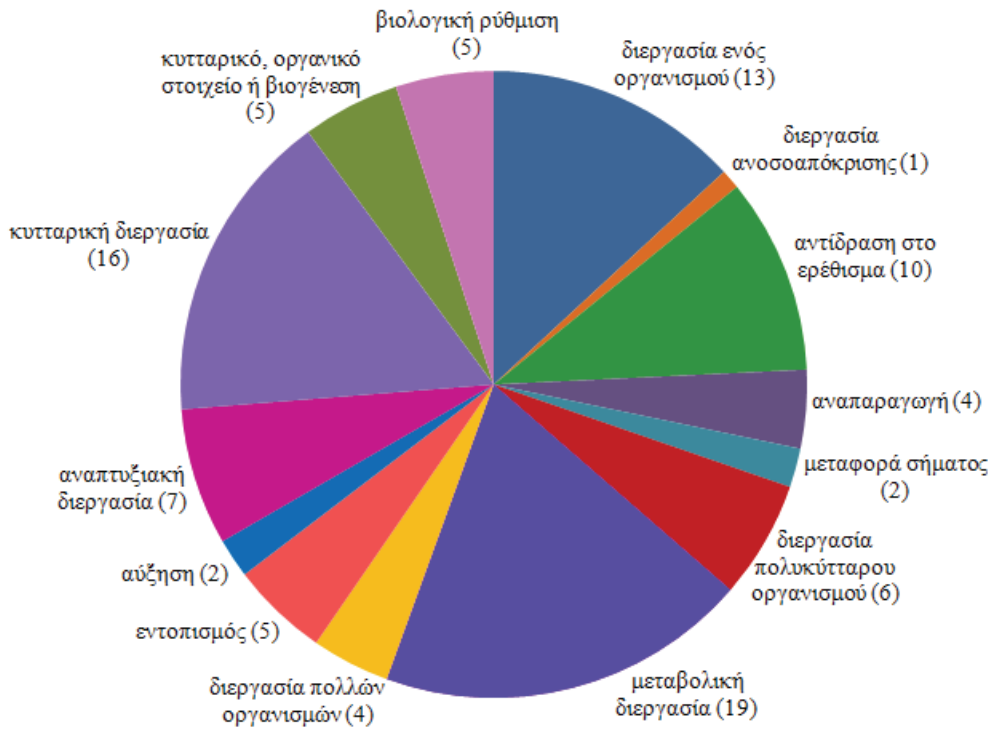
Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
173	839	RecName: Full=Calcium-binding allergen Ole e 8; AltName: Full=PCA18/PCA23; AltName: Allergen=Ole e 8 >gb AAAF31151.1 AF078679_1 calcium-binding protein [Olea europaea]	52%	3,00E-65	68%	<i>Olea europaea</i>	calcium-binding allergen Ole e 8
174	740	No significant similarity found					
177	690	hypothetical protein CICLE_v10016695mg [Citrus clementina]	73%	2,00E-49	53%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
178	858	phenylalanine ammonia-lyase [Juglans nigra]	75%	1,00E-128	82%	<i>Juglans nigra</i>	phenylalanine ammonia-lyase
180	494	PREDICTED: transcription factor GTE8-like [Vitis vinifera]	24%	8,00E-05	63%	<i>Vitis vinifera</i>	transcription factor GTE8
181	541	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102595919 isoform X1 [Solanum tuberosum]	50%	5,00E-23	50%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein
187	491	hypothetical protein M569_11994 [Genlisea aurea]	75%	5,00E-50	68%	<i>Genlisea aurea</i>	hypothetical protein
		quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase [Glandularia x hybrida]	75%	3,00E-39	54%	<i>Glandularia x hybrida</i>	quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
		PREDICTED: malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase-like [Vitis vinifera]	71%	4,00E-27	49%	<i>Vitis vinifera</i>	malonyl-CoA:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
		HXXXD-type acyl-transferase family protein, putative [Theobroma cacao]	74%	2,00E-18	36%	<i>Theobroma cacao</i>	acyl-transferase
		PREDICTED: phenolic glucoside malonyltransferase 1-like [Cicer arietinum]	67%	1,00E-17	37%	<i>Cicer arietinum</i>	phenolic glucoside malonyltransferase
189	918	PREDICTED: 40S ribosomal protein S3a-like [Cicer arietinum]	67%	4,00E-134	90%	<i>Cicer arietinum</i>	40S ribosomal protein S3a
190	651	PREDICTED: RNA-binding protein NOB1-like [Vitis vinifera]	98%	4,00E-89	67%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA-binding protein NOB
191	570	PREDICTED: NAC domain-containing protein 72 [Vitis vinifera] >emb CB120350.3 unnamed protein product [Vitis vinifera]	26%	1,00E-06	64%	<i>Vitis vinifera</i>	NAC domain-containing protein

### 3.6 Επεξεργασία των αλληλουχιών με το λογισμικό BLAST2GO

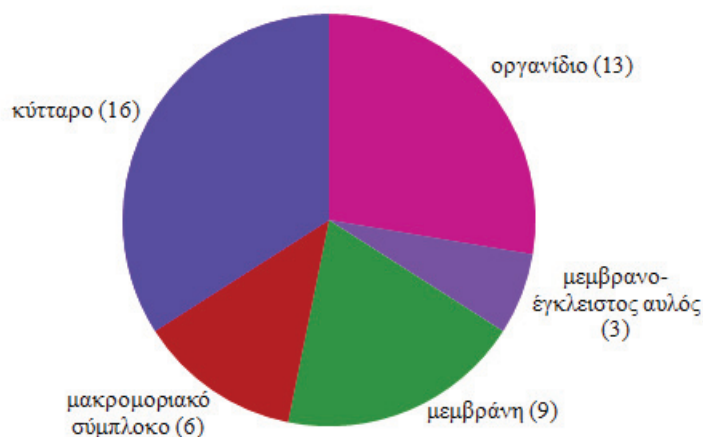
Έγινε επεξεργασία των ‘καθαρών’ αλληλουχιών με το λογισμικό BLAST2GO (Biobam, Ισπανία), όπου έγινε δυνατός ο προσδιορισμός της κατηγορίας της λειτουργίας της πρωτεΐνης στην οποία πιθανόν να ανήκουν τα αλληλουχηθέντα ενθέματα/τμήματα γονιδίων. Παρακάτω παρουσιάζονται διαγράμματα με τον αριθμό των απομονωθέντων αλληλουχιών οι οποίες εμπλέκονται σε βιολογικές (Σχεδ. 29 και 30), κυτταρικές (Σχεδ. 31 και 32) και μοριακές (Σχεδ. 33 και 34) διαδικασίες, καθώς και διαγράμματα τα οποία απεικονίζουν την κατανομή των ομόλογων, προς τις απομονωθείσες αλληλουχίες των ποικιλιών ‘Καλαμών’ και ‘Arbequina’, αλληλουχιών σε διάφορα φυτικά είδη (Σχεδ. 35 και 36).



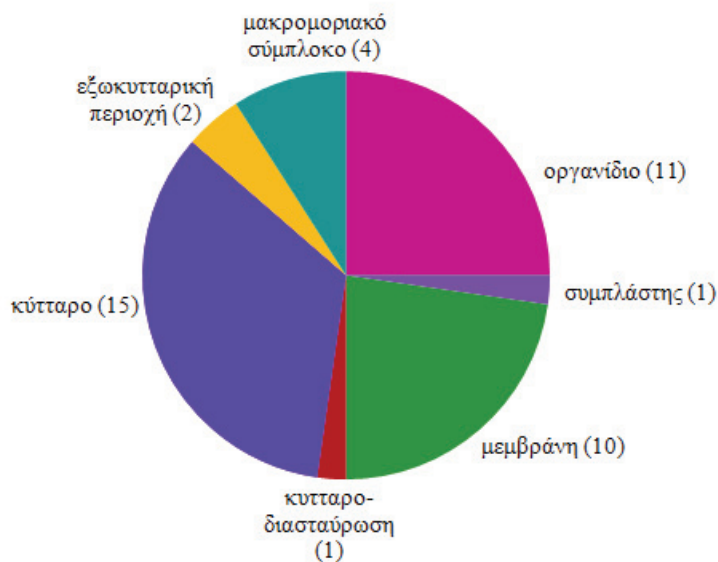
**Σχεδιάγραμμα 29.** Κατηγοριοποίηση στις διάφορες βιολογικές διαδικασίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Καλαμών’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’ (υλικό από μοσχεύματα).



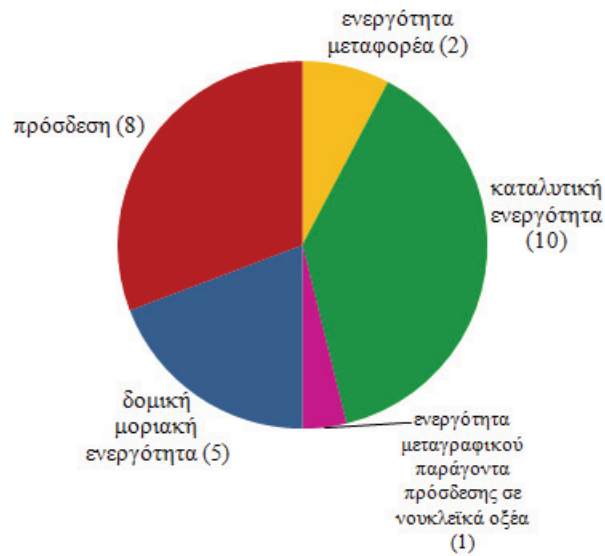
**Σχεδιάγραμμα 30.** Κατηγοριοποίηση στις διάφορες βιολογικές διαδικασίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Arbequina’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’ (υλικό από μοσχεύματα).



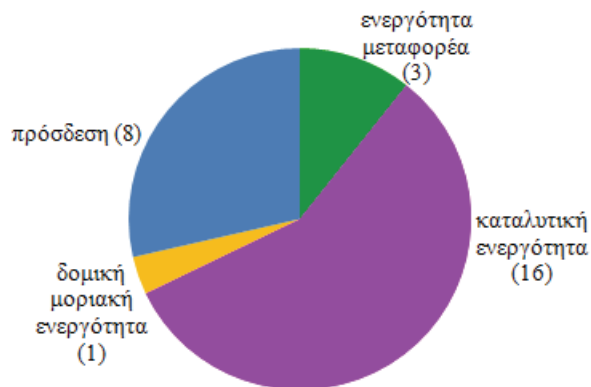
**Σχεδιάγραμμα 31.** Κατηγοριοποίηση στις διάφορες κυτταρικές λειτουργίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Καλαμών’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’ (υλικό από μοσχεύματα).



**Σχεδιάγραμμα 32.** Κατηγοριοποίηση στις διάφορες κυτταρικές λειτουργίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Arbequina’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’ (υλικό από μοσχεύματα).

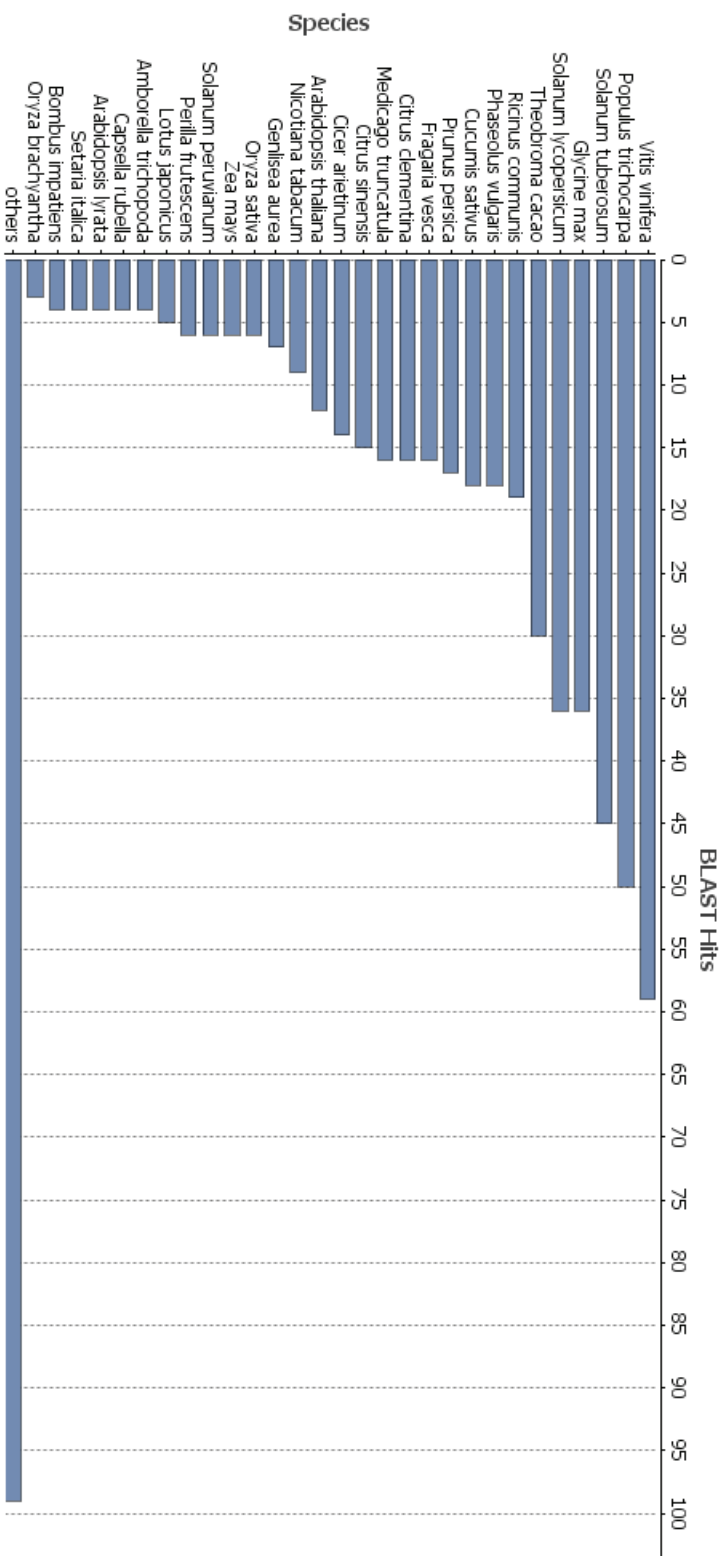


**Σχεδιάγραμμα 33.** Κατηγοριοποίηση στις διάφορες μοριακές διαδικασίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας 'Καλαμών' που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση 'Καλαμών'-'Arbequina' (υλικό από μοσχεύματα).

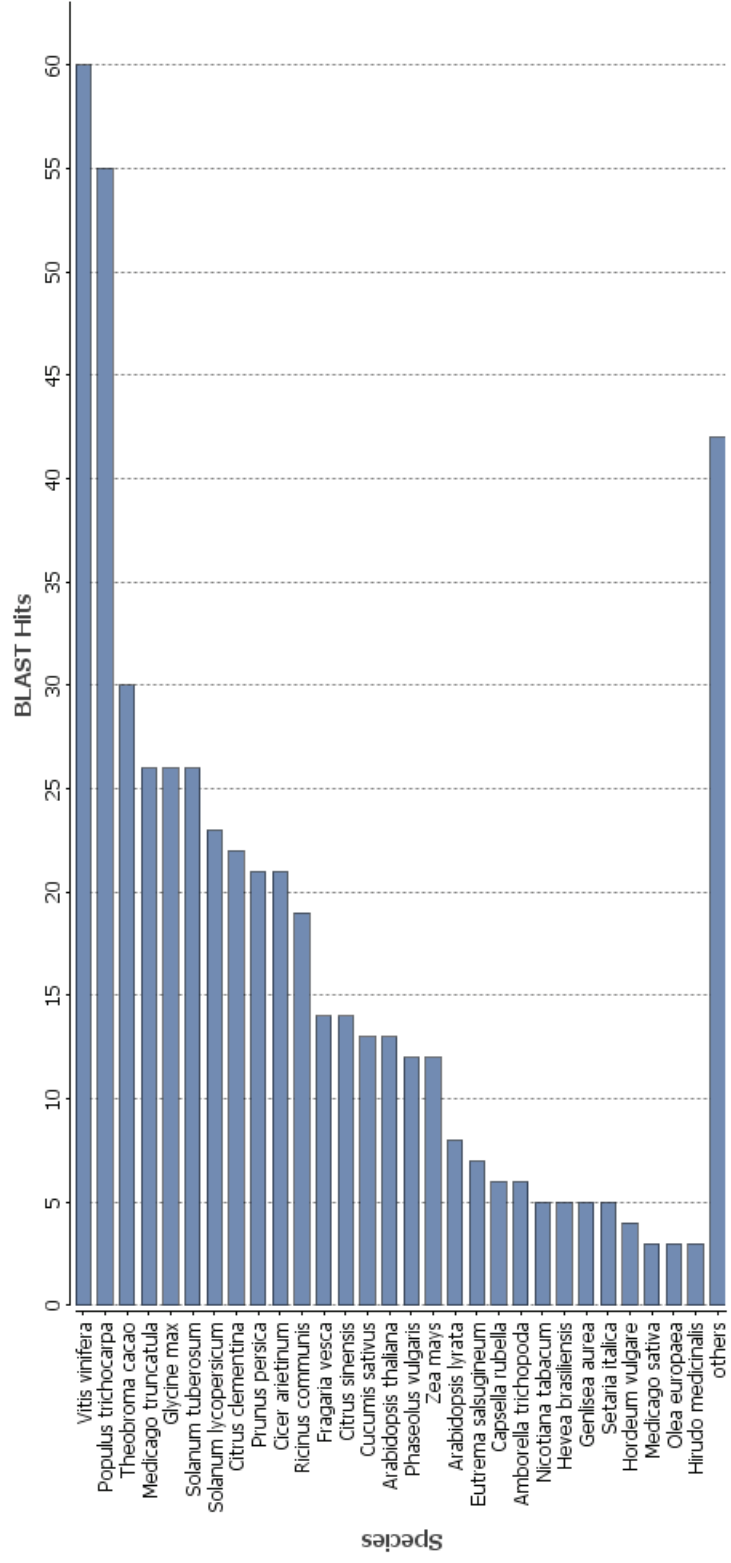


**Σχεδιάγραμμα 34.** Κατηγοριοποίηση στις διάφορες μοριακές διαδικασίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας 'Arbequina' που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση 'Arbequina'-'Καλαμών' (υλικό από μοσχεύματα).





**Σχημάτισμα 35.** Κατανομή των ομόλογων, προς τις απομονωθείσες αλληλουχίες της ποικιλίας 'Καλαμών', αλληλουχιών σε διάφορα φυτικά είδη.



Σχεδιάγραμμα 36. Κατανομή των ομόλογων, προς τις απομονωθείσες αλληλουχίες της ποικιλίας ‘Arbequina’, αλληλουχιών σε διάφορα φυτικά είδη.

#### 4. Συζήτηση

Ο πολλαπλασιασμός με μοσχεύματα αποτελεί το σημαντικότερο μέσο για την κλωνική αναγέννηση και διάδοση της ελιάς και εφαρμόζεται ευρύτατα στη φυτωριακή πράξη. Τα πλεονεκτήματα της μεθόδου είναι πολλά, ωστόσο στην πράξη έχουν παρουσιαστεί προβλήματα αφού οι ποικιλίες ελιάς διαφέρουν σημαντικά στην ικανότητα ριζοβολίας. Με βάση τη διεθνή βιβλιογραφία δεν έχει πραγματοποιηθεί σημαντική έως καθόλου έρευνα σε μοριακό επίπεδο για τον εντοπισμό γονιδίων που πιθανόν να συνδέονται με τη δυνατότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ελιάς. Για το σκοπό αυτό στην παρούσα εργασία πραγματοποιήθηκε μοριακή σύγκριση σε μεταγραφικό επίπεδο (mRNA) δύο ποικιλιών ελιάς που διαφέρουν μεταξύ τους σημαντικά ως προς την ικανότητα των μοσχευμάτων τους για ριζοβολία. Στόχος αυτής της προσπάθειας ήταν ο εντοπισμός γονιδίων, τα οποία εκφράζονται στη μια ποικιλία ('Arbequina'-εύκολη στη ριζοβολία), αλλά δεν εκφράζονται στην άλλη ('Καλαμών'-δύσκολη στη ριζοβολία) και αντίστροφα, έτσι ώστε να μελετηθεί η πιθανότητα τα γονίδια αυτά να συνδέονται με τη ριζοβολία των μοσχευμάτων. Απώτερος στόχος είναι ο κατά βούληση έλεγχος (είτε αύξηση είτε μείωση της έκφρασης) γονιδίων που εμπλέκονται στη διαδικασία της ριζοβολίας, γεγονός που θα οδηγήσει σε αύξηση του ποσοστού ριζοβολίας στις ποικιλίες ελιάς, τα μοσχεύματα των οποίων ριζοβολούν σε πολύ χαμηλά ποσοστά, αυξάνοντας έτσι τη δυνατότητα αγενούς αναπαραγωγής τους.

##### 4.1 Αλληλουχίες της 'cv. Arbequina' - Σύγκριση με βιβλιοθήκες DNA (γενωματικές)

Από τη σύγκριση των αποκτηθεισών αλληλουχιών, που προέκυψαν με την τεχνική του K.A.Y. και εκφράζονται στην 'Arbequina' αλλά δεν εκφράζονται στην 'Καλαμών', με τις αλληλουχίες που είναι κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-n) και για τις πρωτεΐνες (BLAST-x) προέκυψε ότι υπάρχει υψηλή ομολογία με αλληλουχίες που εμπλέκονται στους μηχανισμούς άμυνας των φυτών σε βιοτικούς και αβιοτικούς παράγοντες. Πιο συγκεκριμένα, βρέθηκαν αρκετές αλληλουχίες με σημαντικά υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνες που σχετίζονται με την ανθεκτικότητα των φυτών σε χαμηλές θερμοκρασίες καθώς και την επαγωγή των αμυντικών αντιδράσεων των φυτών κατά των μυκήτων, βακτηρίων και ιών (π.χ. 1,3-glucanase acidic mammalian chitinase και winter accumulating protein A) (Ukaji et al.,

2004; Ebrahim et al., 2011). Επίσης, βρέθηκαν αρκετές αλληλουχίες με σημαντικά υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνες παθογένεσης (disease-resistant-related protein, pathogenesis-related protein PR10 και wound induced protein) (Ebrahim et al., 2011) και πρωτεΐνες που μπορούν να προκαλέσουν αλλεργική αντίδραση στον άνθρωπο, αλλά σχετίζονται με την επαγωγή ανθεκτικότητας των φυτών στις διάφορες καταπονήσεις και στις προσβολές από παθογόνα (major allergen Pru ar 1, allergen Pru p 1.06C και major allergen Mal d 1.03F) (Hoffmann-Sommergruber, 2002; Mbeguie et al., 2013). Επομένως, από τα παραπάνω παρατηρούμε ότι στην ποικιλία ‘Arbequina’ υπάρχουν αρκετά γονίδια τα οποία εμπλέκονται στους μηχανισμούς άμυνας των φυτών ενάντια στα διάφορα παθογόνα. Συνεπώς, η έκφραση κάποιων ή και όλων των παραπάνω γονιδίων πιθανόν να σχετίζεται με τα μικρότερα ποσοστά σήψεων που παρατηρούνται στις βάσεις των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ σε σχέση με την ‘Καλαμών’ κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας (Μέρος Δεύτερο — Κεφάλαιο 1, Πίνακας 1, 2 και 3).

Επίσης, από τα αποτελέσματα προέκυψε ότι υπάρχει υψηλή ομολογία με αλληλουχίες που εμπλέκονται στους μηχανισμούς που σχετίζονται με την ανοσολογική αντίδραση των φυτών ενάντια στα διάφορα παθογόνα καθώς και στους αντιοξειδωτικούς μηχανισμούς των φυτών. Αναλυτικότερα, βρέθηκαν οκτώ αλληλουχίες με υψηλή ομολογία με γονίδια που εμπλέκονται στη σύνθεση της κυστεΐνης (cytosolic cysteine synthase, O-acetylserine (thiol)lyase, O-acetylserine acetyltransferase), έναν ζωτικής σημασίας μεταβολίτη στην ανοσοαπόκριση των φυτών, η οποία αποτελεί πρόδρομη ουσία για την παραγωγή των βασικών βιομορίων όπως είναι οι βιταμίνες, τα αντιοξειδωτικά και πολλές ενώσεις που σχετίζονται με την άμυνα των φυτών (Droux et al., 1998; Warrilow και Hawkesford, 2000; Alvarez et al., 2012). Επιπλέον, μία αλληλουχία έχει σημαντικό ποσοστό ομολογίας με ένα ένζυμο (vacuolar processing enzyme) που δρα ως πρωτεάση της κυστεΐνης. Τέτοιες πρωτεάσες είναι γνωστό ότι εμπλέκονται στον προγραμματισμένο κυτταρικό θάνατο (κυττόλυση) κατά τη διάρκεια της αντίδρασης υπερευαισθησίας (Misas-Villamill et al., 2013).

Επιπλέον, πέντε αλληλουχίες έχουν μεγάλο ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν μια πρωτεΐνη (metacaspase) που αποτελεί ρυθμιστή στο βιοχημικό μονοπάτι του κυτταρικού θανάτου. Η πρωτεΐνη αυτή είναι απαραίτητη για τον κυτταρικό θάνατο που προκαλείται τόσο από την οξείδωση όσο και από την αντίδραση υπερευαισθησίας λόγω της ανοσοαπόκρισης (Watanabe και Lam, 2005; Coll et al.,

2010; Kwon και Hwang, 2013). Τέλος, βρέθηκαν τέσσερις αλληλουχίες με μεγάλο ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν ένζυμο που είναι υπεύθυνο για το μεταβολισμό της βιταμίνης B6, ενώ παράλληλα μπορεί να δράσει ως συνένζυμο σε αρκετές μεταβολικές διεργασίες, καθώς επίσης και ως αντιοξειδωτικός παράγοντας (pyridoxal kinase) (Tambasco-Studart et al., 2005), και μια αλληλουχία με μεγάλο ποσοστό ομολογίας με το αντιοξειδωτικό ένζυμο Mn superoxide dismutase (MnSOD) (Bowler et al., 1991).

Επίσης, βρέθηκαν έξι αλληλουχίες με μεγάλη ομολογία με γονίδια που σχετίζονται με διάφορες κυτταρικές λειτουργίες (όπως η κυτταροσκελετική αναδιαμόρφωση, ο έλεγχος της διακίνησης των διαφόρων ιόντων δια μέσου της μεμβράνης των κυττάρων και ο έλεγχος της μεταφοράς του ATP) και με τον έλεγχο της προσαρμογής των φυτών στην ωσμωτική καταπόνηση (phosphoinositide phosphatase SAC8, phosphatidylinositide phosphatase SAC1 και suppressor of actin) (Despres et al., 2003; Zhong και Ye, 2003). Ακόμα βρέθηκαν πέντε αλληλουχίες με υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνη η οποία είναι απαραίτητη για τη μεταγωγή των ορμονών και των διαφόρων ερεθισμάτων στα φυτά (two pore calcium channel protein 1). Η πρωτεΐνη αυτή παρέχει στα φυτά τη δυνατότητα μεταφοράς των διαφόρων θρεπτικών στοιχείων ακόμα και υπό δυσμενείς συνθήκες (γενετικές ανωμαλίες, παρουσία τοξικών κατιόντων) (Mäser et al., 2001). Πέντε αλληλουχίες ακόμα έχουν μεγάλη ομολογία με γονίδια που εμπλέκονται στην εποχιακή αποθήκευση του αζώτου (bark storage protein A) (Coleman et al., 1992 και 1994).

Μεγάλο ποσοστό ομολογίας βρέθηκε με αλληλουχίες που εμπλέκονται στο μεταβολισμό των υδατανθράκων. Βρέθηκαν δεκατρείς αλληλουχίες με υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν τα ένζυμα (pyrophosphate phosphofructokinase και pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase), τα οποία ρυθμίζουν τη σύνθεση της σακχαρόζης και εμπλέκονται στη διαδικασία της γλυκόλυσης και της νεογλυκογένεσης (Reeves et al., 1974; Kombrink et al., 1984; Yan και Tao, 1984; Stitt, 1989; Galla et al., 2009). Μεγάλη ομολογία βρέθηκε επίσης, με τέσσερις αλληλουχίες που σχετίζονται με τα ένζυμα glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase και 6-phosphogluconolactonase, τα οποία εμπλέκονται στο μονοπάτι των φωσφοροπεντοζών (Xiong et al., 2009). Επίσης, μία αλληλουχία έχει υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο alpha-galactosidase (AGA), το οποίο εμπλέκεται στον καταβολισμό της σταχυόζης και της ραφινόζης (Carmi et al., 2003),

τρεις αλληλουχίες με γονίδια ομόλογα του ενζύμου galactinol-sucrose galactosyltransferase, το οποίο συμμετέχει στη σύνθεση της ραφινόζης (Nishizawa et al., 2008). Επίσης βρέθηκε μια αλληλουχία με γονίδια που σχετίζονται με τη βιοσύνθεση της σταχυόζης (stachyose synthase precursor) (Peterbauer et al., 2002) και μια αλληλουχία με γονίδια ομόλογα του ενζύμου raffinose synthase που συμμετέχει στη βιοσύνθεση της ραφινόζης. Τέλος, βρέθηκε μια αλληλουχία με μεγάλη ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο ADH-like UDP-glucose dehydrogenase, το οποίο συμμετέχει στο μεταβολισμό του αμύλου και της σακχαρόζης, στις ενδομετατροπές της πεντόζης και του γλυκορουνιδίου (glucuronate), στο μεταβολισμό του ασκορβικού και του αλδαρικού οξέως (aldarate) καθώς και στο μεταβολισμό των σακχάρων των νουκλεοτιδίων (Bindschedler et al., 2005; Karkonen et al., 2005; Oka και Jigami, 2006; Egger et al., 2010). Από τα παραπάνω παρατηρούμε ότι στην ποικιλία 'Arbequina' αρκετά γονίδια εμπλέκονται στο μεταβολισμό των υδατανθράκων και ειδικότερα στη βιοσύνθεση της σακχαρόζης, της σταχυόζης και της ραφινόζης. Το γεγονός αυτό θα μπορούσε να δικαιολογήσει την υψηλότερη συγκέντρωση αυτών των υδατανθράκων που παρατηρήθηκαν στα μοσχεύματα της παραπάνω ποικιλίας (Μέρος Δεύτερο — Κεφάλαιο 1, Σχεδ. 3, 4, 5 και 6).

Στην παρούσα εργασία βρέθηκαν αρκετές αλληλουχίες οι οποίες έχουν σημαντικά ποσοστά ομολογίας με γονίδια που εμπλέκονται στο μεταβολισμό των λιπαρών οξέων. Πιο συγκεκριμένα, βρέθηκαν έξι αλληλουχίες με μεγάλη ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο alcohol-dehydrogenase, το οποίο συμμετέχει στο μεταβολισμό των λιπαρών οξέων, καθώς και στη διαδικασία της γλυκόλυσης και της νεογλυκογένεσης (Galla et al., 2009). Επίσης, μια αλληλουχία είχε μεγάλο ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν μια λιποξυγενάση, η οποία εμπλέκεται στο μεταβολισμό του λινελαϊκού οξέως και του α-λινολενικού οξέως (Galla et al., 2009; Schiliro et al., 2012), μια αλληλουχία με υψηλή ομολογία με μια πρωτεΐνη, η οποία συμμετέχει στη βιοσύνθεση των τριακυλογλυκερολών (membrane-bound O-acyltransferase) (Wang et al., 2013), μια αλληλουχία με υψηλή ομολογία με πρωτεΐνη, η οποία συμμετέχει στο τελευταίο στάδιο του καταβολισμού των τριακυλογλυκερολών (type 1 diacylglycerol acyltransferase-DGAT1B) (Lu και Hills, 2002; Lung και Weselake, 2006) και τέλος μια αλληλουχία με υψηλή ομολογία με την πρωτεΐνη lysophospholipid acyltransferase, η οποία συμμετέχει στην ενδοκυτταρική μεταφορά

των λιπαρών οξέων και στη σύνθεση των φωσφολιπιδίων και των τριακυλογλυκερολών (Weber, 2002).

Επίσης, βρέθηκαν αλληλουχίες οι οποίες έχουν υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που εμπλέκονται σε διάφορες μεταβολικές διεργασίες των φυτών. Σύμφωνα με τα αποτελέσματά μας, βρέθηκε μία αλληλουχία με υψηλή ομολογία με την πρωτεΐνη U box domain που δρα όπως το ένζυμο συγκόλλησης της ουμπικουϊτίνης (ubiquitin ligase) (Zeng et al., 2008), ενώ έξι άλλες αλληλουχίες έχουν υψηλή ομολογία με τα γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη F-box/ankyrin repeat protein SKIP35 που ελέγχει την ουμπικουϊτίνωση των πρωτεϊνών, διαδικασία η οποία σχετίζεται με την οργανογένεση, τον κύκλο του κυττάρου, την κυτταροδιαίρεση, τη μεταγραφή του DNA, τη διαφοροποίηση των κυττάρων, την ανάπτυξη και την αντίδραση των φυτών στις διάφορες καταπονήσεις (Lomma et al., 2010). Επιπλέον, βρέθηκε μια αλληλουχία με υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν μια υδρολάση και μια αλληλουχία με μεγάλο ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη seed imbibition protein. Οι δύο αυτές πρωτεΐνες έχουν καταλυτική δραστηριότητα και εμπλέκονται τόσο στη μοριακή λειτουργία όσο και στη βιολογική και μεταβολική διαδικασία των φυτών (Marcus και Feeley, 1964). Ακόμα, υπάρχουν τρεις αλληλουχίες που εμφανίζουν μεγάλο ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη pectinesterase/pectinesterase inhibitor 46 και μια αλληλουχία με υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη pectinesterase-3 precursor, οι οποίες συμμετέχουν σε διάφορες τροποποιήσεις των κυτταρικών τοιχωμάτων (αποδόμηση ή εναπόθεση της πηκτίνης στα κυτταρικά τοιχώματα, μεταβολισμός της γλυκάνης) και σχετίζονται με τη βιογένεση καθώς και τη διάσπαση του κυτταρικού τοιχώματος (Christensen et al., 1998).

Εκτός των άλλων βρέθηκαν πέντε αλληλουχίες με υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν ένα μεταγραφικό παράγοντα (transcription factor KAN2), ο οποίος ρυθμίζει την πολικότητα των οργάνων και εμπλέκεται στην κυτταρική διαφοροποίηση και στη ρύθμιση της μεταγραφής των πρωτεϊνών (Eshed et al., 2001; Emery et al., 2003). Επιπλέον βρέθηκαν οχτώ αλληλουχίες με υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη translationally controlled tumor protein (TCTP), η οποία εμπλέκεται σε διάφορες κυτταρικές δραστηριότητες, συμπεριλαμβανομένης της σταθεροποίησης των μικροσωληνίσκων, τη δέσμευση του ασβεστίου στα κύτταρα και την απόπτωση. Επίσης, μια αλληλουχία εμφανίζει αρκετά υψηλή ομολογία με τα

γονίδια που κωδικεύουν μια ομάδα πρωτεϊνών (myb family transcription factor family protein), οι οποίες ρυθμίζουν συγκεκριμένες διαδικασίες στα φυτά, όπως είναι η παραγωγή εξειδικευμένων τύπων κυττάρων (π.χ. τα κύτταρα του ξύλου, τα κύτταρα των τριχών, τα κύτταρα των ριζικών τριχιδίων) ή συμμετέχουν στη βιοσύνθεση εξειδικευμένων διαδικασιών του μεταβολισμού όπως είναι η βιοσύνθεση των φαινυλοπροπανοειδών (Wilkins et al., 2009). Βρέθηκαν ακόμα, δέκα αλληλουχίες με υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο laccase το οποίο δρα στις ο- και p-κινόνες και ορισμένες φορές στις αμινοφαινόλες και τη φαινυλενοδιαμίνη (Ranocha et al., 1999). Η δράση του παραπάνω ενζύμου εμπλέκεται στη διαδικασία ξυλοποίησης στα ανώτερα φυτά (Mayer και Staples, 2002).

Ακόμα παρατηρήθηκε ότι επτά αλληλουχίες είχαν υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο ATP συνθάση (ATP synthase subunit O), μια αλληλουχία με τα γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη που είναι συστατικό της μιτοχονδριακής ATP συνθάσης (oligomycin sensitivity conferring protein) (Jansch et al., 1996) και μια αλληλουχία με τα γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο το οποίο εμπλέκεται στην απομάκρυνση των αλκυλιωμένων βάσεων από το DNA (DNA-3-methyladenine glycosylase I) (Santerre και Britt, 1994). Επίσης, τέσσερις αλληλουχίες είχαν αρκετά υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν την RNA πολυμεράση (RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1), οκτώ αλληλουχίες είχαν ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνες που εμπλέκονται στη δομή του νουκλεοσώματος (histone H3) και τέλος οκτώ αλληλουχίες με ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη ATP-dependent RNA helicase, η οποία εμπλέκεται στη συγκόλληση του pre-mRNA (pre-mRNA splicing). Επιπροσθέτως, βρέθηκαν οκτώ αλληλουχίες οι οποίες είχαν υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο adenine phosphoribosyltransferase, το οποίο είναι υπεύθυνο για τη μετατροπή της αδενίνης σε μονοφωσφορική αδενοσίνη (adenosine monophosphate - AMP) (Schorr et al., 1996), ενώ παράλληλα ελέγχει τα επίπεδα της κυτοκίνης στο κύτταρο (Mofatt et al., 1991).

Πρόσθετα, βρέθηκε μια αλληλουχία με αρκετά υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν μια πρωτεΐνη η οποία εμπλέκεται στην ανάπτυξη και στις πρώτες διαφοροποιήσεις των κυττάρων στα ανώτερα φυτά που τελικά οδηγούν στο σχηματισμό του κάλλου (callus protein P23) (Afonso και Galbraith, 1994). Η έκφραση αυτού του γονιδίου πιθανόν να σχετίζεται με τη μεγαλύτερη ικανότητα των κυττάρων



του καμβίου για αποδιαφοροποίηση, που παρατηρήθηκε στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ σε σχέση με της ποικιλίας ‘Καλαμών’, που με τη σειρά της θα οδηγήσει στο σχηματισμό των ριζικών καταβολών (Μέρος Τέταρτο — Κεφάλαιο 1, Εικόνες 24, 25 και 26). Επίσης, μια αλληλουχία βρέθηκε να έχει υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη gibberellin 2-oxidase family protein, η οποία ρυθμίζει την ανάπτυξη των φυτών αδρανοποιώντας τη δράση των ενδογενών γιββερελλινών (Lo et al., 2008). Είναι γνωστό ότι οι γιββερελλίνες τις περισσότερες φορές δρουν ανασταλτικά της ριζοβολίας (Henrique et al., 2008), καθώς μεταξύ άλλων, εμποδίζουν τις πρώτες κυτταρικές διαιρέσεις που με τη σειρά τους θα οδηγήσουν στο σχηματισμό των ριζικών αρχεγόνων (Brian et al., 1960). Επιπλέον, βρέθηκε μια αλληλουχία με πολύ υψηλό ποσοστό ομολογίας με τα γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο aldehyde oxidase (AO3) και εμπλέκεται στα τελευταία στάδια της βιοσύνθεσης του ινδολυλοξικού οξέος και του αμπισσικού οξέος (Sekimoto et al., 1997; Min et al., 2000). Επίσης, το ένζυμο αυτό τα τελευταία χρόνια θεωρείται ότι δρα ως IAAld oxidase (indole-3-acetaldehyde oxidase) στη βιοσύνθεση του IAA, ωστόσο η ακριβής δράση του δεν έχει επιβεβαιωθεί οριστικά (Seo et al., 1998). Επομένως, παρατηρούμε ότι τα παραπάνω τρία γονίδια είναι ιδιαίτερα σημαντικά για τη ριζογένεση στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’, καθώς τα δύο εξ αυτών ρυθμίζουν τις πρώτες κυτταρικές διαιρέσεις και το τρίτο εμπλέκεται στη βιοσύνθεση του IAA, του οποίου η παρουσία είναι ιδιαίτερα σημαντική για το σχηματισμό των ριζικών αρχεγόνων (Fabbri et al., 2004).

Τέλος, αρκετές αλληλουχίες είχαν ομολογία με αλληλουχίες άγνωστης λειτουργίας σε χρωματοσώματα από τομάτα (*Solanum lycopersicum*), αραβίδοψη (*Arabidopsis thaliana*) και μηδική (*Medicago truncatula*), με μιτοχονδριακά γονιδιώματα και ριβοσωμικό RNA.

#### 4.2 Αλληλουχίες της ‘cv. Arbequina’ - Σύγκριση με βιβλιοθήκες ESTs

Από τη σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ‘Arbequina’ αλλά δεν εκφράζονται στην ‘Καλαμών’ με τις αλληλουχίες που είναι κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα ESTs (BLAST-EST), δηλαδή εκφραζόμενων γενετικών πληροφοριών, βρέθηκε ότι πολλές αλληλουχίες είχαν σημαντικά υψηλά ποσοστά ομολογίας με cDNA προερχόμενο από ρίζες, βλαστούς και φύλλα διαφόρων φυτών. Επίσης, βρέθηκαν αλληλουχίες με πολύ μεγάλη ομολογία με

cDNA από άνθη, φύλλα και καρπούς ελιάς καθώς και από ρίζες ελιάς με προσβολή από *Pseudomonas fluorescens*. Ακόμα παρατηρήθηκε υψηλή ομολογία με cDNA από ρίζες ακτινιδιάς, καρυδιάς (*Juglans hindsii* x *Juglans regia*) και *Swingle citrumelo* με προσβολή από νηματώδεις, από ρίζες πεύκου (*Pinus taeda*) που δέχτηκαν την εφαρμογή paraquat ή παρέμειναν στους 37 °C για 24 ώρες ή είχαν έλλειψη μικροστοιχείων. Αρκετά υψηλή ομολογία βρέθηκε με cDNA προερχόμενο από κάλλο, ηθμό, κάμβιο και δευτερογενές ξύλο από διάφορα φυτά, από νεαρό βλαστό μηλιάς και αναπτυσσόμενο βλαστό έλατου (*Picea glauca*). Επίσης, αρκετές αλληλουχίες βρέθηκαν να έχουν ομολογία με cDNA προερχόμενο από καρπούς πορτοκαλιάς, αμπελιού και μηλιάς, από φύλλα μαρουλιού μολυσμένα με *Verticillium dahliae*, από φύλλα λιμετιάς μολυσμένα με ιό και από κορμό τρίφυλλης πορτοκαλιάς (*Citrus trifoliata*) μολυσμένο με *Phytophthora parasitica*. Τέλος, παρατηρήθηκαν αρκετές αλληλουχίες με σημαντική ομολογία με cDNA από διάφορα φυτά και ποικιλία ιστών που έχουν δεχτεί αβιοτική καταπόνηση και κυρίως υδατική καταπόνηση.

#### 4.3 Αλληλουχίες της ‘*cv. Καλαμών*’ - Σύγκριση με βιβλιοθήκες DNA (γενωματικές)

Από τη σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ‘*Καλαμών*’ αλλά δεν εκφράζονται στην ‘*Arbequina*’ με τις αλληλουχίες που είναι κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-n) και για τις πρωτεΐνες (BLAST-x) προέκυψε ότι υπάρχει υψηλή ομολογία με αλληλουχίες που σχετίζονται με την οσμωρύθμιση. Πιο συγκεκριμένα, βρέθηκαν έξι αλληλουχίες με σημαντικά υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο sorbitol-6-phosphate dehydrogenase το οποίο είναι απαραίτητο για τη βιοσύνθεση της σορβιτόλης. Παράλληλα η sorbitol-6-phosphate dehydrogenase συμμετέχει στο μεταβολισμό της φρουκτόζης και παράλληλα μπορεί να επηρεάσει αρνητικά τη συγκέντρωση της UDP-γλυκόζης ή της γλυκόζης (Hirai, 1981; Sheveleva et al., 1998). Αυτό έχει ως αποτέλεσμα κυρίως όταν το παραπάνω γονίδιο υπερεκφράζεται να παράγεται μεγάλη ποσότητα σορβιτόλης επηρεάζοντας αρνητικά το μεταβολισμό των φυτών. Παράλληλα μειώνεται η συγκέντρωση της UDP-γλυκόζης, η οποία αποτελεί βασική πρόδρομη ένωση για τη βιοσύνθεση των κυτταρικών τοιχωμάτων (Sheveleva et al., 1998), με άμεση συνέπεια στους αναπτυσσόμενους ιστούς. Επομένως, παρατηρούμε ότι η υπερέκφραση του παραπάνω γονιδίου (εάν και εφόσον λάβει

χώρα) μπορεί να επηρεάσει αρνητικά τη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Επίσης, βρέθηκε μια αλληλουχία με υψηλή ομολογία με το ένζυμο *aldo-keto reductase*, το οποίο καταλύει τη μετατροπή της γλυκόζης σε σορβιτόλη και επιπλέον μπορεί να προστατεύσει τα κύτταρα από τη δράση των καρβονυλίων (Turóczy et al., 2011), καθώς και άλλες δύο αλληλουχίες με υψηλή ομολογία με το ένζυμο *NADPH-dependent mannose 6-phosphate reductase (M6PR)* ή *mannose-6P reductase*, το οποίο εμπλέκεται στη βιοσύνθεση της μαννιτόλης (Zhifang και Loescher, 2003). Τέλος, έξι αλληλουχίες είχαν υψηλό ποσοστό ομολογίας με την *ATP συνθάση (ATP synthase subunit gamma)*.

Παρατηρήθηκε ότι αρκετές αλληλουχίες έχουν αρκετά υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που εμπλέκονται στη βιοσύνθεση των διαφόρων δευτερογενών μεταβολιτών και κυρίως στη βιοσύνθεση των φαινολικών ενώσεων. Αναλυτικότερα, βλέπουμε ότι υπάρχει υψηλή ομολογία με γονίδια τα οποία κωδικεύουν μια τρανσφεράση (*malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase*), η οποία εμπλέκεται στη βιοσύνθεση των φαινυλοπροπανοειδών και ειδικότερα στη βιοσύνθεση των ανθοκυανών (KEGG) και μια τρανσφεράση της γλυκόζης (*anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase*), η οποία και αυτή εμπλέκεται στη βιοσύνθεση των ανθοκυανών (Yamazaki et al., 1999). Επίσης, έντεκα αλληλουχίες έχουν υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο *phenylalanine ammonia-lyase (PAL)*, το οποίο έχει πρωταρχική δράση στη βιοσύνθεση των φαινυλο-προπανοειδών (Cheng και Breen, 1991). Τέλος, μια αλληλουχία έχει υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο *chalcone synthase*, το οποίο συμμετέχει στη βιοσύνθεση των φλαβονοειδών (Akada et al., 1991).

Επιπροσθέτως, βρέθηκε μια αλληλουχία με σχετικά υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν μια πρωτεΐνη (*indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase family protein*), η οποία είναι υπεύθυνη για το μεταβολισμό των ορμονών και κυρίως για τη σύζευξη του IAA με διάφορα μόρια (αμινοξέα, πεπτίδια, σάκχαρα ή/και πρωτεΐνες) (Szerszen et al., 1994; Jackson et al., 2001; Ludwig-Müller, 2011). Η σύζευξη του IAA αποτελεί μια μορφή αποθήκευσης της φυσικής αυξίνης που έχει ως στόχο να ρυθμίζει τα ενδογενή επίπεδά της (Szerszen et al., 1994; Jackson et al., 2001) και παράλληλα να την προστατεύει από την οξειδωση από την IAA oxidase (Ludwig-Müller, 2011). Ωστόσο, όταν το IAA είναι σε συζευγμένη μορφή, αναλόγως βέβαια

και των μορίων με τα οποία έχει γίνει η σύζευξη, μπορεί να δράσει ως παρεμποδιστής της ριζοβολίας (Ludwig-Müller, 2011), καθώς δεν μπορεί να διεγείρει την έναρξη της κυτταρικής αποδιαφοροποίησης (Blakesley, 1994). Επομένως, η έκφραση του παραπάνω ενζύμου πιθανόν να προκαλεί σύζευξη της φυσικής αυξίνης που με τη σειρά της οδηγεί σε μειωμένη συγκέντρωση ελεύθερου και ενεργού IAA στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας 'Καλαμών'. Αυτό έχει ως άμεση συνέπεια τα ενδογενή επίπεδα της φυσικής αυξίνης να είναι σε επίπεδα όχι επαρκή για την προώθηση της ριζοβολίας στην ποικιλία 'Καλαμών'.

Ακόμα βρέθηκαν πέντε αλληλουχίες με υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν την UDP-glycosyltransferase, ένζυμο το οποίο γλυκοζυλιώνει ένα ευρύ φάσμα αγλυκονών (aglycones), όπως είναι οι ορμόνες και άλλοι δευτερογενείς μεταβολίτες (Ross et al., 2001; Trapero et al., 2012). Επίσης, έχει βρεθεί ότι η UDP-glycosyltransferase έχει μικρή καταλυτική δράση στο ινδολυλοξικό οξύ (IAA) *in vitro* και διαδραματίζει σημαντικό ρόλο στην άμυνα των φυτών και στην αντοχή στις διάφορες καταπονήσεις (Vogt και Jones, 2008). Επιπλέον, αρκετές αλληλουχίες είχαν ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν τις πρωτεΐνες που είναι απαραίτητες για τη ρύθμιση της έκφρασης των γονιδίων του αιθυλενίου και για τις διεργασίες που σχετίζονται με τις κυτοκινίνες (ethylene-insensitive protein και ethylene signaling protein) (Cary et al., 1995; Alonso et al., 1999). Επομένως, οι παραπάνω πρωτεΐνες εμμέσως ρυθμίζουν τη γήρανση των ιστών, την ανάπτυξη και την ανταπόκριση των φυτών στις διάφορες καταπονήσεις. Βρέθηκαν ακόμα αρκετές αλληλουχίες με υψηλή ομολογία, με την πρωτεΐνη class III HD-Zip protein, της οποίας η δράση επηρεάζεται από την αυξίνη και αποτελεί ένα θετικό ρυθμιστή του πολλαπλασιασμού και της διαφοροποίησης των καμβιακών κυττάρων (Baima et al., 2001).

Ακόμα παρατηρήθηκε ότι μια αλληλουχία είχε καλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν το ένζυμο phosphoribosylamine-glycine ligase το οποίο εμπλέκεται στη *de novo* βιοσύνθεση της πουρίνης, η οποία είναι ιδιαίτερα σημαντική για τα μεριστωματικά κύτταρα, καθώς παρέχει τα δομικά στοιχεία για το DNA και το RNA αυτών των ιστών. Επίσης, βρέθηκαν τρεις αλληλουχίες με αρκετά υψηλό ποσοστό ομολογίας με μια πρωτεΐνη που εμπλέκεται στη ρύθμιση της κυτταρικής διαφοροποίησης (tetraspanin) (Olmos et al., 2003) καθώς και μια αλληλουχία με καλή ομολογία με την πρωτεΐνη formin, η οποία συμμετέχει σε διάφορες κυτταρικές

διεργασίες, αλλά κυρίως στην οργάνωση του κυτταροσκελετού ρυθμίζοντας τον πολυμερισμό της ακτίνης (Yi et al., 2005; Wang et al., 2012).

Αρκετά υψηλή ομολογία βρέθηκε με διάφορες τρανσφεράσες (transferase, quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase και anthocyanin 5-aromatic acyltransferase), με μια υδρολάση (ripening-related protein) και μια υδροξυγενάση (iron hydrogenase), οι οποίες ενώσεις εμπλέκονται σε διάφορες μοριακές λειτουργίες. Δύο αλληλουχίες είχαν υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνες οι οποίες ρυθμίζουν τη γονιδιακή έκφραση στη διαδικασία παραγωγής των διαφόρων πρωτεϊνών (transcriptional regulatory protein) (Singh, 1998), ενώ άλλες επτά αλληλουχίες είχαν υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν μια πρωτεΐνη (pelota), η οποία συμμετέχει στη γενετική επεξεργασία των πληροφοριών, στη μετάφραση του mRNA και στη κωδικοποίηση των πρωτεϊνών. Επίσης, βρέθηκαν έξι αλληλουχίες με μεγάλη ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη T-complex protein 1 subunit epsilon, που ρυθμίζει την αναδίπλωση των πρωτεϊνών (Tuskan et al., 2006), και έξι αλληλουχίες με ομολογία με το ένζυμο ubiquitin-conjugating enzyme που εμπλέκεται στην ουμπικουιτίνωση των πρωτεϊνών (Suzuki et al., 2002). Τέλος, τέσσερεις αλληλουχίες είχαν μεγάλη ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν μια πρωτεΐνη που εμπλέκεται στο δεσμό του rRNA (RNA-binding protein NOB) και τέσσερεις αλληλουχίες που κωδικεύουν την πρωτεΐνη που εμπλέκεται στο δεσμό του DNA (NAC domain protein, NAC4) (KEGG).

Βρέθηκαν αρκετές αλληλουχίες να έχουν σημαντική ομολογία με την πρωτεΐνη DEAD-box ATP-dependent RNA helicase, η οποία δρα ως ελικάση και εμπλέκεται στην ανάπτυξη των φυτών και στην προστασία από τις διάφορες καταπονήσεις (Gong et al., 2005), καθώς και με πρωτεΐνες που εμπλέκονται στην επιδιόρθωση βλαβών του DNA που δημιουργούνται από καρκινογόνες ουσίες του περιβάλλοντος, από διάφορες επιβλαβείς ενώσεις και από την UV ακτινοβολία (DNA repair protein RAD23-1, ubiquitin receptor RAD23b, uv excision repair protein rad23) (Liu et al., 2000). Επίσης, τρεις αλληλουχίες βρέθηκαν να έχουν σχετικά υψηλή ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν μια πρωτεΐνη, η οποία είναι απαραίτητη για την ανάπτυξη των φυτών και την προσαρμογή τους στις περιβαλλοντικές καταπονήσεις, συμπεριλαμβανομένων των μηχανισμών άμυνας έναντι των παθογόνων και των μηχανισμών για την αντιμετώπιση του τραυματισμού (regulator of nonsense transcripts UPF3) (Jeong et al., 2011; Shi et al., 2012) και οκτώ αλληλουχίες με υψηλή ομολογία με τις πρωτεΐνες που σχετίζονται

με την επαγωγή των αμυντικών αντιδράσεων των φυτών (calmodulin protein 6a και calcium-binding protein) (KEGG).

Εκτός των άλλων βρέθηκαν δύο αλληλουχίες με σχετικά μεγάλη ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν ένα μεταγραφικό παράγοντα (transcription factor GTE8) και τέσσερεις αλληλουχίες με μεγάλη ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν μια πρωτεΐνη που δρα ως πιθανός μεταγραφικός παράγοντας και εμπλέκεται στη ρύθμιση της ανάπτυξης του μεριστώματος (homeobox-leucine zipper protein ATHB-15) (Prigge et al., 2004). Πέντε αλληλουχίες ακόμα είχαν υψηλό ποσοστό ομολογίας με γονίδια που κωδικεύουν μια πρωτεΐνη που ρυθμίζει τη σταθερότητα, την έκφραση και τη μετάφραση στα μιτοχόνδρια (pentatricopeptide repeat-containing protein) (Davies et al., 2009) και οκτώ αλληλουχίες είχαν ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνες που εμπλέκονται στη δομή του νουκλεοσώματος (histone H3). Επίσης, βρέθηκαν οκτώ αλληλουχίες με μεγάλη ομολογία με γονίδια που κωδικεύουν την πρωτεΐνη inorganic phosphate transporter 1-4, η οποία εμπλέκεται στη μεταφορά του φωσφόρου και ως επί το πλείστον εκφράζεται στις ρίζες και στους ιστούς που συνδέουν τις πλευρικές ρίζες με την κύρια ρίζα και μια αλληλουχία με την BAH1 acyltransferase DCR, η οποία εμπλέκεται στη βιοσύνθεση της κουτίνης και συμμετέχει στη μορφογένεση των κυττάρων της επιδερμίδας και των τριχών (Panikashvili et al., 2009). Τέλος, αρκετές αλληλουχίες είχαν ομολογία με αλληλουχίες άγνωστης λειτουργίας σε χρωματοσώματα από τομάτα (*Solanum lycopersicum*), αραβίδοψη (*Arabidopsis thaliana*) και αχλαδιά (*Pyrus communis*), με μιτοχονδριακά γονιδιώματα και ριβοσωμικό RNA.

#### 4.4 Αλληλουχίες της ‘εν. Καλαμών’ - Σύγκριση με βιβλιοθήκες ESTs

Από τη σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ‘Καλαμών’ αλλά δεν εκφράζονται στην ‘Arbequina’ με τις αλληλουχίες που είναι κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα ESTs (BLAST-EST) βρέθηκε ότι πολλές αλληλουχίες είχαν σημαντικά υψηλά ποσοστά ομολογίας με cDNA προερχόμενο από ρίζες, βλαστούς και φύλλα διαφόρων φυτών. Επίσης, βρέθηκαν αλληλουχίες με πολύ μεγάλη ομολογία με cDNA από άνθη, φύλλα και καρπούς ελιάς καθώς και από ρίζες ελιάς με προσβολή από *Pseudomonas fluorescens*. Αρκετά υψηλή ομολογία βρέθηκε με cDNA προερχόμενο από κάλλο από διάφορα φυτά, από ενεργοποιημένο κάμβιο λεύκας και από ενεργοποιημένα βλαστικά μεριστώματα πορτοκαλιάς, ακτινιδιάς και

τομάτας. Επίσης, αρκετές αλληλουχίες βρέθηκαν να έχουν ομολογία με cDNA προερχόμενο από μοσχεύματα βελανιδιάς (*Quercus robur*) ενός έτους, από αναπτυσσόμενο σπόρο πορτοκαλιάς και από ρίζες τρίφυλλης πορτοκαλιάς (*Citrus trifoliata*) με έλλειψη σιδήρου. Ακόμα παρατηρήθηκε υψηλή ομολογία με cDNA από ρίζες καρυδιάς (*Juglans hindsii* x *Juglans regia*) και citrusmelo (*Citrus paradisi* x *Citrus trifoliata*) με προσβολή από νηματώδεις και από ρίζες τομάτας και αραχίδας (*Arachis hypogaea*) με προσβολή από *Ralstonia solanacearum*. Τέλος, παρατηρήθηκαν αρκετές αλληλουχίες με σημαντική ομολογία με cDNA από διάφορα φυτά και ποικιλία ιστών που έχουν δεχτεί αβιοτικές καταπονήσεις (υδατική ή θερμική καταπόνηση).

Συμπερασματικά, παρατηρούμε ότι ορισμένα από τα γονίδια που εντοπίστηκαν στην παρούσα εργασία, είτε όταν εκφράζονται είτε όταν καταστέλλεται η έκφρασή τους, ενδεχομένως να σχετίζονται με τη φυσιολογική διεργασία της ριζοβολίας των μοσχευμάτων και των δύο ποικιλιών. Επίσης, βλέπουμε ότι στην ποικιλία 'Arbequina' υπάρχουν αρκετά γονίδια που εμπλέκονται στους μηχανισμούς εκείνους που προωθούν τη ριζοβολία. Τα γονίδια αυτά απουσιάζουν από την 'Καλαμών γεγονός που ίσως να εξηγεί μερικώς τη μειωμένη ικανότητα ριζοβολίας. Ωστόσο, από την παρούσα μελέτη με τη χρήση του K.A.Y. απομονώθηκαν διαφορετικά εκφραζόμενα γονίδια και για την επαλήθευση του αποτελέσματος θα πρέπει να γίνει επιβεβαίωση με τη μελέτη της ποσοτικής έκφρασης των εν λόγω γονιδίων. Το τελευταίο θα αποτελέσει συνέχεια της παρούσας μελέτης.

## 5. Βιβλιογραφία

- Afonso, C.L., Galbraith, D.W., 1994. The callus associated protein (CAP) gene of *Nicotiana tabacum*: isolation, characterization, and evidence for possible function as a transcriptional factor. *In vitro Cellular and Developmental Biology-Plant* 30, 44-54.
- Akada, S., Kung, S.D., Dube, S.K., 1991. The nucleotide sequence of gene 1 of the soybean chalcone synthase multigene family. *Plant Molecular Biology* 16, 751-752.
- Akopian, A.N., Wood, J.N., 1995. Peripheral nervous system-specific genes identified by subtractive cDNA cloning. *Journal of Biological Chemistry* 270, 21264-21270.
- Alonso, J.M., Hirayama, T., Roman, G., Nourizadeh, S., Ecker, J.R., 1999. EIN2, a bifunctional transducer of ethylene and stress responses in Arabidopsis. *Science* 284, 2148-2152.
- Alvarez, C., Bermudez, M.A., Romero, L.C., Gotor, C., Irene Garcia, I., 2012. Cysteine homeostasis plays an essential role in plant immunity. *New Phytologist* 193, 165-177.
- Anonymous 1, 2006. Invitrogen. TRIzol<sup>®</sup> Reagent Manual.
- Anonymous 2, 2007. Clontech. PCR-Select<sup>™</sup> cDNA Subtraction Kit User Manual.
- Baima, S., Possenti, M., Matteucci, A., Wisman, E., Altamura, M.M., Ruberti, I., Morelli, G., 2001. The Arabidopsis ATHB-8 HD-Zip protein acts as a differentiation-promoting transcription factor of the vascular meristems. *Plant Physiology* 126, 643-655.
- Bindschedler, L.V., Wheatley, E., Gay, E., Cole, J., Cottage, A., Bolwell, G.P., 2005. Characterization and expression of the pathway from UDP-glucose to UDP-xylose in differentiating tobacco tissue. *Plant Molecular Biology* 57(2), 285-301.
- Blakesley, D., 1994. Auxin metabolism and adventitious root initiation, in: Davies, T.D. et al. (Eds.), *Biology of adventitious root formation*. Springer Science and Business Media, New York, pp.143-154.
- Bowler, C., Slooten, L., Vandenbranden, S., De Rycke, R., Botterman, J., Sybesma, C., Van Montagu, M., Inzé, D., 1991. Manganese superoxide dismutase can reduce cellular damage mediated by oxygen radicals in transgenic plants. *The European Molecular Biology Organization Journal* 10(7), 1723-1732.



- Brown, S.J., Mahaffey, J.P., Lorenzen, M.L., Denell, R.E., Mahaffey, J.W., 1999. Using RNAi to investigate orthologous homeotic gene function during development of distantly related insects. *Evolution and Development* 1, 11-15.
- Brian, P.W., Hemming, H.G., Lowe, D., 1960. Inhibition of Rooting of Cuttings by Gibberellic Acid. *Annals of Botany* 24(4), 407-419.
- Carmi, N., Zhang, G., Petreikov, M., Gao, Z., Eyal, Y., Granot, D., Schaffer, A.A., 2003. Cloning and functional expression of alkaline  $\alpha$ -galactosidase from melon fruit: similarity to plant SIP proteins uncovers a novel family of plant glycosyl hydrolase. *The Plant Journal* 33, 97-106.
- Cary, A.J., Liu, W., Howell, S.H., 1995. Cytokinin action is coupled to ethylene in its effects on the inhibition of root and hypocotyl elongation in *Arabidopsis thaliana* seedlings. *Plant Physiology* 107(4), 1075-1082.
- Cheng, G.W., Breen, P.J., 1991. Activity of phenylalanine ammonia-lyase (PAL) and concentrations of anthocyanins and phenolics in developing strawberry fruit. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 116(5), 865-869.
- Christensen, T.M., Nielsen, J.E., Kreiberg, J.D., Rasmussen, P., Mikkelsen, J.D., 1998. Pectin methyl esterase from orange fruit: characterization and localization by in-situ hybridization and immunohistochemistry. *Planta* 206(4), 493-503.
- Coleman, G.D., Banados, M.P., Chen, T.H.H., 1994. Poplar bark storage protein and a related wound-induced gene are differentially induced by nitrogen. *Plant Physiology* 106, 211-215.
- Coleman, G.D., Chen, T.H.H., Fuchigami, L.H., 1992. Complementary NA cloning of poplar bark storage protein and control of its expression by photoperiod. *Plant Physiology* 98, 687-639.
- Coll, N.S., Vercammen, D., Smidler, A., Clover, C., Van Breusegem, F., Dangl, J.L., Epple, P., 2010. Arabidopsis type I metacaspases control cell death. *Science* 330(6009), 1393-1397.
- Davies, S.M., Rackham, O., Shearwood, A.M., Hamilton, K.L., Narsai, R., Whelan, J., Filipovska, A., 2009. Pentatricopeptide repeat domain protein 3 associates with the mitochondrial small ribosomal subunit and regulates translation. *FEBS Letters* 583(12), 1853-1858.
- Despres, B., Bouissonie, F., Wu, H.J., Gomord, V., Guilleminot, J., Grellet, F., Berger, F., Delseny, M., Devic, M., 2003. Three SAC1-like genes show overlapping

- patterns of expression in Arabidopsis but are remarkably silent during embryo development. *The Plant Journal* 34(3), 293-306.
- Diatchenko, L., Lukyanov, S., Lau, Y.F.C., Siebert, P.D., 1999. Suppression Subtractive Hybridization: A versatile method for identifying differentially expressed genes. *Methods in Enzymology* 303, 349-380.
- Droux, M., Ruffet, M.L., Douce, R., Job, D., 1998. Interactions between serine acetyltransferase and O- acetylserine (thiol) lyase in higher plant: Structural and kinetic properties of the free and bound enzymes. *European Journal of Biochemistry* 255, 235-245.
- Ebrahim, S., Usha, K., Singh, B., 2011. Pathogenesis related (PR) proteins in plant defense mechanism, in: Mendez-Vilas, A. (Ed.), *Science against microbial pathogens: communicating current research and technological advances*. Formatex Research Center, Badajoz, Spain, pp.1043-1054.
- Egger, S., Chaiknuad, A., Kavanagh, K.L., Oppermann, U., Nidetzky, B., 2010. UDP-glucose dehydrogenase: structure and function of a potential drug target. *Biochemical Society Transactions* 38(5), 1378-1385.
- Emery, J.F., Floyd, S.K., Alvarez, J., Eshed, Y., Hawker, N.P., Izhaki, A., Baum, S.F., Bowman, J.L., 2003. Radial patterning of Arabidopsis shoots by class III HD-ZIP and KANADI genes. *Current Biology* 13(20), 1768-1774.
- Eshed, Y., Baum, S.F., Perea, J.V., Bowman, J.L., 2001. Establishment of polarity in lateral organs of plants. *Current Biology* 11(16), 1251-1260.
- Fabrizi, A., Bartolini, G., Lambardi, M., Kailis, S.G., 2004. *Olive propagation manual*. Landlinks Press, Australia.
- Galla, G., Barcaccia, G., Ramina, A., Collani, S., Alagna, F., Baldoni, L., Cultrera, N.G.M., Martinelli, F., Sebastiani, L., Tonutti, P., 2009. Computational annotation of genes differentially expressed along olive fruit development. *BMC Plant Biology* 9, 128.
- Gasic, K., Hernandez, A., Korban, S.S., 2004. RNA extraction from different apple tissues rich in polyphenols and polysaccharides for cDNA library construction. *Plant Molecular Biology Reporter* 22, 437a-437g.
- Gomi, K., Yamamoto, H., Akimitsu, K., 2003. Epoxide hydrolase: a mRNA induced by fungal pathogen *Alternaria alternata* on rough lemon (*Citrus jambhiri* Lush.). *Plant Molecular Biology* 53, 189-199.

- Gong, Z., Dong, C.H., Lee, H., Zhu, J., Xiong, L., Gong, D., Stevenson, B., Zhu, J.K., 2005. A DEAD box RNA helicase is essential for mRNA export and important for development and stress responses in Arabidopsis. *The Plant Cell* 17(1), 256-267.
- Henrique, A., Campinhos, E.N., Ono, E.O., Zambello de Pincho, S., 2008. Effect of plant growth regulators in the rooting of Pinus cuttings. *Brazilian archives of Biology and Technology* 49(2), 189-198.
- Hirai, M., 1981. Purification and characteristics of sorbitol-6-phosphate dehydrogenase from Loquat leaves. *Plant Physiology* 67, 221-224.
- Hoffmann-Sommergruber, K., 2002. Pathogenesis-related (PR)-proteins identified as allergens. *Biochemical Society Transactions* 30(6), 930-935.
- Hubank, M., Schatz, D.G., 1994. Identifying differences in mRNA expression by representational difference analysis. *Nucleic Acids Research* 22, 5640-5648.
- Jackson, R.G., Lim, E.K., Li, Y., Kowalczyk, M., Sandberg, G., Hoggett, J., Ashford, D.A., Bowles, D.J., 2001. Identification and biochemical characterization of an Arabidopsis indole-3-acetic acid glucosyltransferase. *The Journal of Biological Chemistry* 276(6), 4350-4356.
- Jansch, J., Kruff, V., Schmitz, U.K., Braun, H.P., 1996. New insights into the composition, molecular mass and stoichiometry of the protein complexes of plant mitochondria. *The Plant Journal* 9(3), 357-368.
- Jeong, H.J., Kim, Y.J., Kim, S.H., Kim, Y.H., Lee, I.J., Kim, Y.K., Shin, J.S., 2011. Nonsense-mediated mRNA decay factors UPF1 and UPF3 contribute to plant defence. *Plant Cell Physiology* 52(12), 2147-2156.
- Karkonen, A., Murigneux, A., Martinant, J.P., Pepey, E., Tatout, C., Dudley, B.J., Fry, S.C., 2005. UDP-glucose dehydrogenases of maize: a role in cell wall pentose biosynthesis. *Biochemical Journal* 391, 409-415.
- KEGG, Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes.
- Kombrink, E., Kruger, N., Beevers, H., 1984. Kinetic properties of pyrophosphate: fructose-6-phosphate phosphotransferase from germinating castor bean endosperm. *Plant Physiology* 74, 395-401.
- Kwon, S.I., Hwang, D.J., 2013. Expression analysis of the metacaspase gene family in Arabidopsis. *Journal of Plant Biology* 56, 391-398.

- Li, H., Gu, X., Dawson, V.L., Dawson, T.M., 2004. Identification of calcium-and nitric oxide- regulated genes by differential analysis of library expression (DAzLE). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.* 101, 647-652.
- Liang, P., Pardee, A.B., 1992. Differential display of eukaryotic messenger RNA by means of the polymerase chain reaction. *Science* 257, 967-971.
- Licciardello, C., Russo, M.P. Vale, G., Recupero, R.G., 2008. Identification of differentially expressed genes in the flesh of blood and common oranges. *Tree Genetics and Genomes* 4, 315-331.
- Lisitsyn, N., Wigler, M., 1993. Cloning the differences between two complex genomes. *Science* 259, 946-951.
- Liu, Z., Hossain, G.S., Islas-Osuna, M.A., Mitchell, D.L., Mount, D.W., 2000. Repair of UV damage in plants by nucleotide excision repair: *Arabidopsis* UVH1 DNA repair gene is a homolog of *Saccharomyces cerevisiae* Rad. *The Plant Journal* 21(6), 519-528.
- Lo, S.F., Yang, S.Y., Chen, K.T., Hsing, Y.I., Zeevaart, J.A.D., Chen, L.J., Yu, S.M., 2008. A novel class of gibberellin 2-oxidases control semidwarfism, tillering, and root development in rice. *The Plant Cell* 20(10), 2603-2618.
- Lomma, M., Dervis-Ravault, D., Rolando, M., Nora, T., Newton, H.J., Sansom, F.M., Sahr, T., Gomez-Valero, L., Jules, M., Hartland, E.L., Buchrieser, C., 2010. The *Legionella pneumophila* F-box protein Lpp 2082 (AnkB) modulates ubiquitination of the host protein pervin B and promotes intracellular replication. *Cellular Microbiology* 12(9), 1272-1291.
- Lu, S., Hills, M., 2002. *Arabidopsis* mutants deficient in diacylglycerol acyltransferase display increased sensitivity to abscisic acid, sugars, and osmotic stress during germination and seedling development. *Plant Physiology* 129, 1352-1358.
- Lung, S.C., Weselake, R.J., 2006. Diacylglycerol acyltransferase: A key mediator of plant triacylglycerol synthesis. *Lipids* 41(12), 1073-1088.
- Ludwig-Müller, J., 2011. Auxin conjugates: their role for plant development and in the evolution of land plants. *Journal of Experimental Botany* 62(6), 1757-1773.
- Marcus, A., Feeley, J., 1964. Activation of protein synthesis in the imbibition phase of seed germination. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 51(6), 1075-1079.

- Mäser, P., Thomine, S., Schroeder, J. I., Ward, J.M., Hirschi, K., Sze, H., Talke, I., Amtmann, A., Maathuis, J.F.H., Tchieu, J., Gribskov, M., Persans, M.W., Salt, D.E., Kim, S.A., Guerinot, M.L., 2001. Phylogenetic relationships within cation transporter families of Arabidopsis. *Plant Physiology* 126 (4), 1646-1667.
- Mayer, A.M., Staples, R.C., 2002. Laccase a new functions for an old enzyme. *Phytochemistry* 60, 551-565.
- Mbeguie-A-Mbeguie D., Gomez R.-M., Fils-Lycaon, B.R., 2013. Sequence of an allergen-, stress-, and pathogenesis-related protein from apricot fruit. Gene expression during fruit ripening. *Plant Gene Register*, 97-180.
- Min, X., Okada, K., Brockmann, B., Koshiba, T., Kamiya, Y., 2000. Molecular cloning and expression patterns of three putative functional aldehyde oxidase genes and isolation of two aldehyde oxidase pseudogenes in tomato. *Biochimica et Biophysica Acta* 1493(3), 337-41.
- Misas-Villamil, J.C., Toenges, G., Kolodziejek, I., Sadaghiani, A.M., Kaschani, F., Colby, T., Bogyo, M., van der Hoorn, R.A.L., 2013. Activity profiling of vacuolar processing enzymes reveals a role for VPE during oomycete infection. *The Plant Journal* 73(4), 689-700.
- Nishizawa, A., Yabuta, Y., Shigeoka, S., 2008. Galactinol and raffinose constitute a novel function to protect plants from oxidative damage. *Plant Physiology* 147(3), 1251-1263.
- Norelli, J.L., Farrell, R.E., Bassett, C.L., Baldo, A.M., Lalli, D.A., Aldwinckle, H.S., Wisniewski, M.E., 2009. Rapid transcriptional response of apple to fire blight disease revealed by cDNA suppression subtractive hybridization analysis. *Tree Genetics and Genomes* 5, 27-40.
- Oka, T., Jigami, Y., 2006. Reconstruction of de novo pathway for synthesis of UDP-glucuronic acid and UDP-xylose from intrinsic UDP-glucose in *Saccharomyces cerevisiae*. *Federation of European Biochemical Societies Journal* 273(12), 2645-2657.
- Olmos, E., Reiss, B., Dekker, K., 2003. The ekeko mutant demonstrates a role for tetraspanin-like protein in plant development. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 310(4), 1054-1061.

- Panikashvili, D., Shi, J.X., Schreiber, L., Aharoni, A., 2009. The *Arabidopsis* DCR encoding a soluble BAHD acyltransferase is required for cutin polyester formation and seed hydration properties. *Plant Physiology* 151(4), 1773-1789.
- Peterbauer, T., Mucha, J., Mach, L., Richter, A., 2002. Chain elongation of raffinose in pea seeds. Isolation, characterization, and molecular cloning of multifunctional enzyme catalyzing the synthesis of stachyose and verbascose. *The Journal of Biological Chemistry* 277(1), 194-200.
- Prigge, M.J., Otsuga, D., Alonso, J.M., Ecker, J.R., Drews, G.N., Clark, S.E., 2004. Class III homeodomain-leucine zipper gene family members have overlapping, antagonistic, and distinct roles in *Arabidopsis* development. *The Plant Cell* 17(1), 61-76.
- Ranocha, P., McDougall, G., Hawkins, S., Sterjiades, R., Borderies, G., Stewart, D., Cabanes-Macheteau, M., Boudet, A.M., Goffner, D., 1999. Biochemical characterization, molecular cloning and expression of laccases - a divergent gene family - in poplar. *European Journal of Biochemistry* 259(1-2), 485-495.
- Reeves, R.E., South, D.J., Blytt, H.T., Warren, L.G., 1974. Pyrophosphate: D-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase. A new enzyme with the glycolytic function of 6-phosphofructokinase. *The Journal of Biological Chemistry* 249, 7737-7741.
- Ross, J., Li, Y., Lim, E.K., Bowles, D.J., 2001. Protein family review. Higher plant glycosyltransferases. *Genome Biology* 2(2), 1-6.
- Santerre, A., Britt, A.B., 1994. Cloning of a 3-methyladenine-DNA glycosylase from *Arabidopsis thaliana* (DNA repair). *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 91, 2240-2244.
- Sciliro, E., Ferrara, M., Nigro, F., Mercado-Blanco, J., 2012. Genetic responses induced in olive roots upon colonization by the biocontrol endophytic bacterium *Pseudomonas fluorescens* PICF7. *PLOS ONE* 7(11), 1-11.
- Sekimoto, H., Seo, M., Dohmae, N., Takio, K., Kamiya, Y., Koshiba, T., 1997. Cloning and Molecular Characterization of Plant Aldehyde Oxidase. *Journal of Biological Chemistry* 272 (24), 15280-15285.
- Seo, M., Akaba, S., Oritani, T., Delarue, M., Bellini, C., Caboche, M., Koshiba, T., 1998. Higher activity of an aldehyde oxidase in the auxin-overproducing superroot1 mutant of *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiology* 116 (2), 687-693.

- Sheveleva, E.V., Marquez, S., Chmara, W., Zegeer, A., Jensen, R.G., Bohnert, H.J., 1998. Sorbitol-6-phosphate dehydrogenase expression in transgenic tobacco. High amounts of sorbitol lead to necrotic lesions. *Plant Physiology* 117(3), 831-839.
- Shi, C., Baldwin, I.T., Wu, J., 2012. Arabidopsis plants having defects in nonsense-mediated mRNA decay factors UPF1, UPF2, and UPF3 show photoperiod-dependent phenotypes in development and stress responses. *Journal of Integrative Plant Biology* 54(2), 99-114.
- Singh, K.B., 1998. Transcriptional regulation in plants: the importance of combinatorial control. *Plant Physiology* 118(4), 1111-1120.
- Sokolov, B.P., Prockop, D.J., 1994. A rapid and simple PCR-based method for isolation of cDNAs from differentially expressed genes. *Nucleic Acids Research* 22, 4009-4015.
- Stitt, M., 1989. Product inhibition of potato tuber pyrophosphate: fructose-6-phosphate phosphotransferase by phosphate and pyrophosphate. *Plant Physiology* 89, 628-633.
- Suzuki, G., Yanagawa, Y., Kwok, S.F., Matsui, M., Deng, X.W., 2002. Arabidopsis COP10 is a ubiquitin-conjugating enzyme variant that acts together with COP1 and the COP9 signalosome in repressing photomorphogenesis. *Genes and Development* 16, 554-559.
- Szerszen, J.B., Szczyglowski, K., Bandurski, R.S., 1994. Iaglu, a gene from *Zea mays* involved in conjugation of growth hormone indole-3-acetic acid. *Science* 265(5179), 1699-1701.
- Tambasco-Studart, M., Titiz, O., Raschle, T., Forster, G., Amrhein, N., Fitzpatrick, T.B., 2005. Vitamin B6 biosynthesis in higher plants. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 102(38), 13687-13692.
- Trapero, A., Ahrazem, O., Rubio-Moraga, A., Jimeno, M.L., Gómez, M.D., Gómez-Gómez, L., 2012. Characterization of a glucosyltransferase enzyme involved in the formation of kaempferol and quercetin sophorosides in *Crocus sativus*. *Plant physiology* 159, 1335-1354.
- Turóczy, Z., Kis, P., Török, K., Cserhádi, M., Lendvai, A., Dudits, D., Horváth, G.V., 2011. Overproduction of a rice aldo-keto reductase increases oxidative and heat stress tolerance by malondialdehyde and methylglyoxal detoxification. *Plant Molecular Biology* 75(4-5), 39-412.

- Tuskan, G.A, Difazio, S., Jansson, S., Bohlmann, J., Grigoriev, I., Hellsten, U., Putnam, N., Ralph, S., et al., 2006. The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray). *Science* 313(5793), 1596-1604.
- Ukaji, N., Kuwabara, C., Takezawa, D., Arakawa, K., Fujikawa, S., 2004. Accumulation of pathogenesis-related (PR) 10/Bet v 1 protein homologues in mulberry (*Morus bombycis* Koidz.) tree during winter. *Plant, Cell and Environment* 27(9), 1112-1121.
- Vogt, T., Jones, P., 2008. Glycosyltransferases in plant natural product synthesis: characterization of a supergene family. *Trends in Plant Science* 5(9), 380-386.
- Von Stein, O.D., Thies, W.G., Hofmann, M., 1997. A high throughput screening for rarely transcribed differentially expressed genes. *Nucleic Acids Research* 25, 57-70.
- Wang, J., Xue, X., Ren, H., 2012. New insights into the role of plant formins: regulating the organization of the actin and microtubule cytoskeleton. *Protoplasma* 249(2), 101-107.
- Wang, P., Wang, Z., Dou, Y., Zhang, X., Wang, M., Tian, X., 2013. Genome-wide identification and analysis of membrane-bound O-acyltransferase (MBOAT) gene family in plants. *Planta* 238(5), 907-922.
- Wang, Z., Gerstein, M., Snyder, M., 2009. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nature Reviews Genetics* 10, 57-63.
- Warrilow, A.G.S., Hawkesford, M.J., 2000. Cysteine synthase (*O*-acetylserine (thiol) lyase) substrate specificities classify the mitochondrial isoform as a cyanoalanine synthase. *Journal of Experimental Botany* 51(347), 985-993.
- Watanabe, N., Lam, E., 2005. Two *Arabidopsis* metacaspases AtMCP1b and AtMCP2b are arginine/lysine-specific cysteine proteases and activate apoptosis-like cell death in yeast. *The Journal of Biological Chemistry* 280(15), 14691-14699.
- Weber, H., 2002. Fatty acid-derived signals in plants. Review. *Trends in Plant Science* 7 (5), 217-224.
- Wiesman, Z., Lavee, S., 1995. Enhancement of IBA stimulatory effect on rooting of olive cultivar stem cuttings. *Scientia Horticulturae* 62, 189-198.
- Wilkins, O., Nahal, H., Foong, J., Provart, N.J., Campbell, M.M., 2009. Expansion and diversification of the *Populus* R2R3-myb family of transcription factors. *Plant Physiology* 149(2), 981-993.



- Xiong, Y., Defraia, C., Williams, D., Zhang, X., Mou, Z., 2009. Characterization of *Arabidopsis* 6-phosphogluconolactonase T-DNA insertion mutants reveals an essential role for the oxidative section of the plastidic pentose phosphate pathway in plant growth and development. *Plant and Cell Physiology* 50(7), 1277-1291.
- Yamamoto, M., Wakatsuki, T., Hada, A., Ryo, A., 2001. Use of serial analysis of gene expression (SAGE) technology. *Journal of Immunological Methods* 250, 45-66.
- Yamazaki, M., Gong, Z., Fukuchi-Mizutani, M., Fukui, Y., Tanaka, Y., Kusumi, T., Saito, K., 1999. Molecular cloning and biochemical characterization of a novel anthocyanin 5-*O*-glucosyltransferase by mRNA differential display for plant forms regarding anthocyanin. *The Journal of Biological Chemistry* 74(11), 7405-7411.
- Yan, T.F.J., Tao, M., 1984. Multiple forms of pyrophosphate: D-fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase from wheat seedlings. *The Journal of Biological Chemistry* 259(8), 5087-5092.
- Yang, M., Sytkowski, A.J., 1996. Cloning differentially expressed genes by linker capture subtraction. *Analytical Biochemistry* 237, 109-114.
- Yi, K., Guo, C., Chen, D., Zhao, B., Yang, B., Ren, H., 2005. Cloning and functional characterization of a formin-like protein (AtFH8) from *Arabidopsis*. *Plant Physiology* 138(2), 1071-1082.
- Zeng, J., Gorski, R.A., Hamer, D., 1994. Differential cDNA cloning by enzymatic degrading subtraction (EDS). *Nucleic Acids Research* 22, 4381-4385.
- Zeng, L.R., Park, C.H., Venu, R.C., Gough, J., Wang, G.L., 2008. Classification, expression pattern, and E3 ligase activity assay of rice U-box-containing proteins. *Molecular Plant* 1(5), 800-815.
- Zhifang, G., Loescher, W. H., 2003. Expression of a celery mannose 6-phosphate reductase in *Arabidopsis thaliana* enhances salt tolerance and induces biosynthesis of both mannitol and a glucosyl-mannitol dimer. *Plant, Cell and Environment* 26, 275-283.
- Zhong, R., Ye, Z.H., 2003. The sac domain containing protein gene in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiology* 132, 544-555.
- Κουτσιουμάρη, Ε., 2009. Απομόνωση και χαρακτηρισμός γονιδίων διαφορεικά εκφραζόμενων σε βλαστό λεμονιάς ποικιλιών 'Αδαμοπούλου' και 'Lisbon'. Μεταπτυχιακή μελέτη, Γεωπονικό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Τμήμα επιστήμης φυτικής παραγωγής, Εργαστήριο βελτίωσης φυτών και γεωργικού πειραματισμού.

Στουρνάρας, Β., 2009. Παράγοντες που επηρεάζουν τον *in vitro* και με φυλλοφόρα μοσχεύματα πολλαπλασιασμό της ξυλοκερατιάς. Διδακτορική διατριβή, Γεωπονικό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Τμήμα επιστήμης φυτικής παραγωγής, Εργαστήριο Δενδροκομίας.



# Γενικά συμπεράσματα

Τα αποτελέσματα του πρώτου μέρους της παρούσας μελέτης έδειξαν ότι η ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων επηρεάζεται από το υπόστρωμα, την εποχή, την εφαρμοζόμενη ορμόνη και τη συγκέντρωσή της καθώς και τη χρησιμοποιούμενη ποικιλία. Ειδικότερα συμπεραίνετε ότι:

- Όλα τα μοσχεύματα ανεξαρτήτου ποικιλίας ριζοβόλησαν καλύτερα στο οργανικό υπόστρωμα με βάση την τύρφη (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands), έναντι του υποστρώματος τύρφη-περλίτη.
- Μεταξύ των τριών ποικιλιών η 'Arbequina' έδωσε τα υψηλότερα ποσοστά ριζοβολίας, με δεύτερη τη 'Μαστοειδής' και τελευταία την 'Καλαμών' με σχεδόν μηδενική ριζοβολία.
- Η εποχή είχε σημαντική επίδραση στη ριζοβολία των μοσχευμάτων. Η καλύτερη εποχή για τη ριζοβολία των μοσχευμάτων των ποικιλιών 'Καλαμών' και 'Μαστοειδής' ήταν το φθινόπωρο, ενώ για την 'Arbequina', υψηλά ποσοστά ριζοβολίας επιτεύχθηκαν τόσο το καλοκαίρι όσο και το φθινόπωρο.
- Όσον αφορά την επίδραση των αυξινών, το IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> προώθησε καλύτερα τη ριζοβολία στις ποικιλίες 'Arbequina' και 'Καλαμών', ενώ στη 'Μαστοειδής' το NAA 1000 mg L<sup>-1</sup>.
- Η γρήγορη πτώση των φύλλων των μοσχευμάτων εντός της μονάδας της υδρονέφωσης είχε ως αποτέλεσμα το σάπισμα των μοσχευμάτων και την πλήρη αποτυχία της ριζοβολίας, φαινόμενο που παρατηρήθηκε κύρια στην ποικιλία 'Καλαμών'.
- Τα μοσχεύματα της ποικιλίας 'Καλαμών' είχαν μεγαλύτερη τάση να σχηματίζουν κάλλο σε σχέση με αυτά της ποικιλίας 'Arbequina', χωρίς ωστόσο αυτό να οδηγεί σε ριζογένεση. Αντίθετα, στην ποικιλία 'Arbequina' αρκετά μοσχεύματα ριζοβόλησαν χωρίς να σχηματισθεί κάλλος.

Στο δεύτερο μέρος, μελετήθηκε η επίδραση διαφόρων φυσιολογικών, βιοχημικών, ανατομικών και γενετικών παραγόντων στη ριζοβολία των μοσχευμάτων και εξήχθησαν τα πιο κάτω συμπεράσματα:

- Η διαθεσιμότητα των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων αποτελεί ένα σημαντικό παράγοντα στην έναρξη σχηματισμού των ριζικών αρχεγόνων.
- Ιδιαίτερα σημαντικό ρόλο φαίνεται να έχουν τα σάκχαρα μαννιτόλη και κυρίως η γλυκόζη ως πιθανή πηγή ενέργειας.
- Η χαμηλή ριζοβολία των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ δε μπορεί να αποδοθεί μόνο στις χαμηλότερες συγκεντρώσεις των υδατανθράκων που βρέθηκαν στα μοσχεύματά της.
- Οι πολυαμίνες και κυρίως στην ελεύθερή τους μορφή παίζουν σημαντικό ρόλο στο σχηματισμό των τυχαίων ριζών στα μοσχεύματα ελιάς.
- Οι σημαντικές διαφορές στη συγκέντρωση των πολυαμινών μεταξύ των δύο ποικιλιών που μελετήθηκαν, καθώς και οι μεταβολές αυτών στα αρχικά στάδια της ριζοβολίας, μπορεί να εξηγήσουν τουλάχιστον μερικώς την πολύ υψηλότερη ριζοβολία της ποικιλίας ‘Arbequina’ έναντι της ‘Καλαμών’.
- Η αυξημένη παρουσία πολυαμινών στην ποικιλία ‘Arbequina’ θα μπορούσε να συσχετιστεί με τη μεριστωματική δραστηριότητα και το σχηματισμό των ριζικών καταβολών. Αντίθετα, η μειωμένη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ‘Καλαμών’ θα μπορούσε να συνδεθεί με τη χαμηλή συγκέντρωση των ελεύθερων πολυαμινών που παρουσιάζουν τα μοσχεύματά της.
- Τα ένζυμα παίζουν σημαντικό ρόλο στη ριζοβολία των μοσχευμάτων της ελιάς.
- Η χαμηλή ενεργότητα του ενζύμου IAA oxidase στην ποικιλία ‘Arbequina’, πιθανόν συνέβαλλε στη διατήρηση της συγκέντρωσης του IAA σε ικανοποιητικά για την προώθηση της ριζοβολίας επίπεδα.
- Η ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας και τις τρεις περιόδους ήταν υπερ-τετραπλάσια από αυτή των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’.

- Η αυξημένη ενεργότητα των IAA oxidase και POD πιθανόν να οδήγησαν στον γρήγορο καταβολισμό του IAA και συνεπακόλουθα στη μειωμένη συγκέντρωσή του στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ και συνεπώς στην ελάττωση της ριζοβολίας.
- Επομένως, στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ τα παραπάνω ένζυμα πιθανόν να δρουν ανασταλτικά έως παρεμποδιστικά της ριζοβολίας.
- Οι ολικές φαινολικές ενώσεις μειώθηκαν σημαντικά και στις δύο ποικιλίες κατά τη διάρκεια της ριζοβολίας, γεγονός που δείχνει ότι πιθανόν να έδρασαν ως συνεργιστές για το σχηματισμό συμπλόκων με το IAA.
- Στην ποικιλία ‘Arbequina’ η αύξηση της ενεργότητας της PPO συνέπεσε με τη μείωση των ολικών φαινολικών ενώσεων 15 ημέρες μετά τη φύτευση, γεγονός που υποδηλώνει ότι υπήρξε αυξημένη χρήση των φαινολικών ουσιών που συνέβαλε στο σχηματισμό των τυχαίων ριζών.
- Τα φλαβονοειδή είναι γνωστό ότι δρουν ως παρεμποδιστές της IAA oxidase για την προστασία του IAA. Στη μελέτη αυτή τα μοσχεύματα της ‘Arbequina’ είχαν γενικά υψηλότερη συγκέντρωση φλαβονοειδών ενώσεων από αυτά της ‘Καλαμών’ και ειδικότερα υψηλότερο χλωρογενικό οξύ, το οποίο αποτελεί έναν σημαντικό ανταγωνιστή του IAA για οξείδωση από το ένζυμο IAA oxidase.
- Η αυξημένη συγκέντρωση των φαινολικών ενώσεων σε συνδυασμό με τη μικρή ενεργότητα της IAA oxidase στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’, πιθανόν να συντελεί σε μεγαλύτερα αποθέματα ενδογενούς φυσικής αυξίνης, με αποτέλεσμα την καλύτερη ριζοβολία της.
- Τα αποτελέσματα της παρούσας εργασίας επιβεβαιώνουν το ρόλο των φαινολικών ενώσεων ως συνεργιστές της ριζοβολίας, ο οποίος εντοπίζεται κυρίως στην προστασία και προώθηση της δράσης της φυσικής αυξίνης δια μέσου της παρεμπόδισης της IAA oxidase.

Στο τρίτο μέρος η εξωγενής εφαρμογή των διαφόρων σκευασμάτων στα μοσχεύματα της δύσκολης για ριζοβολία ποικιλίας ‘Καλαμών’ έδειξε ότι:

- Η εφαρμογή των υδατανθράκων, με εξαίρεση τη 5% γλυκόζη και τη 10% σακχαρόζη, αύξησε τη ριζοβολία στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ σε ποσοστό 11-16%.
- Στην ίδια ποικιλία, η πουτρεσκίνη σε συγκέντρωση 0,1 mM ή 10 mM όταν συνδυάστηκε με το IBA 2000 mg L<sup>-1</sup> αύξησε τη ριζοβολία σε ποσοστό 10% το φθινόπωρο. Αντιθέτως, η εφαρμογή σπερμιδίνης και σπερμίνης δεν προώθησαν τη ριζοβολία.
- Με όλες τις συγκεντρώσεις του NaN<sub>3</sub> και του KCN επιτεύχθηκε αύξηση της ριζοβολίας στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’, με τα στατιστικά σημαντικά υψηλότερα ποσοστά να παρατηρούνται για τις επεμβάσεις με 10 mM NaN<sub>3</sub> ή 1 mM KCN.
- Η εξωγενής εφαρμογή της ρουτίνης αύξησε σημαντικά τη ριζοβολία σε ποσοστό 23% στην ‘Καλαμών’ την πρώτη χρονιά της εφαρμογής, ενώ την επόμενη χρονιά που έγινε επανάληψη των πειραμάτων τα ποσοστά ριζοβολίας ήταν πιο χαμηλά (13% και 10%).
- Η εφαρμογή του 0,1 mM CGA το φθινόπωρο μπορεί να χρησιμοποιηθεί με επιτυχία για την αύξηση της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ σε ποσοστό μέχρι και 25% (400% αύξηση σε σχέση με το IBA 2000 mg L<sup>-1</sup>).
- Η εξωγενής εφαρμογή του 0,1 mM CGA προκάλεσε μεταβολές στη συγκέντρωση των διαφόρων βιοχημικών παραγόντων που μετρήθηκαν (υδατάνθρακες, πολυαμίνες, φαινολικές ενώσεις και ένζυμα) που πιθανόν σχετίζονται με την αύξηση της ριζοβολίας των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’. Ωστόσο πρέπει ακόμα να διερευνηθούν οι μηχανισμοί με τους οποίους το CGA προκάλεσε αυτές τις αλλαγές στους ανωτέρω βιοχημικούς παράγοντες.

Στο τέταρτο μέρος που αφορά τη μελέτη της ανατομίας των μοσχευμάτων βρέθηκε ότι μεταξύ των δύο ποικιλιών υπάρχουν ορισμένες ανατομικές διαφορές.

- Στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ ο σκληρευχυματικός δακτύλιος εμφανίζει σε αρκετά σημεία κενά όπως και το φλοιώδες

παρέγχυμα. Αντίθετα, τα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ έχουν συνεχή σκληροεγχυματικό δακτύλιο και το φλοιώδες παρέγχυμα είναι συμπαγές.

- Τα δύο παραπάνω ανατομικά ‘εμπόδια’ στην ποικιλία ‘Καλαμών’, πιθανόν να μειώνουν ή να δυσχεραίνουν την απορρόφηση και διακίνηση της εξωγενώς εφαρμοζόμενης αυξίνης στα βαθύτερα στρώματα στη βάση των μοσχευμάτων. Αυτό έχει ως αποτέλεσμα να μην φτάνει το ερέθισμα της αυξίνης να ενεργοποιήσει τα επιθυμητά κύτταρα που στόχο έχει την έναρξη της αποδιαφοροποίησης αυτών, που με τη σειρά της θα οδηγήσει στο σχηματισμό των ριζικών καταβολών.
- Οι ανατομικές παρατηρήσεις στις βάσεις των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ μας δείχνουν ότι και στις δύο ποικιλίες η θέση έναρξης σχηματισμού του ριζικού αρχηγόνου είναι από κύτταρα του καμβίου.

Τέλος η μελέτη της ριζοβολία των μοσχευμάτων ελιάς σε μοριακό επίπεδο με την τεχνική του Κατασταλτικού Αφαιρετικού Υβριδισμού μας έδειξε ότι:

- Τα απομονωθέντα τμήματα cDNA είναι ομόλογα με γονίδια που κωδικεύουν πρωτεΐνες και ένζυμα τα οποία εμπλέκονται στους μηχανισμούς άμυνας των φυτών, στο μεταβολισμό των υδατανθράκων και των λιπαρών οξέων, στη βιοσύνθεση των φαινυλοπροπαινοειδών, στην οργανογένεση, στην κυτταροδιαίρεση, στη διαφοροποίηση των κυττάρων, στη βιοσύνθεση και τον καταβολισμό του ινδολοξικού οξέως (IAA) κ.ά.. Επίσης βρέθηκε ότι αρκετές αλληλουχίες είχαν ομολογία με αλληλουχίες άγνωστης λειτουργίας σε χρωματοσώματα από διάφορα φυτά, με μιτοχονδριακά γονιδιώματα και ριβοσωμικό RNA.
- Τα γονίδια που εντοπίστηκαν, είτε όταν εκφράζονται είτε όταν καταστέλλεται η έκφρασή τους, ενδεχομένως να σχετίζονται με ορισμένες από τις φυσιολογικές και βιοχημικές διεργασίες της ριζοβολίας των μοσχευμάτων ελιάς.





# Παραρτήματα



# Παράρτημα Α

Κατάταξη μερικών ποικιλιών ελιάς με βάση την ικανότητα ριζοβολίας με  
μοσχεύματα

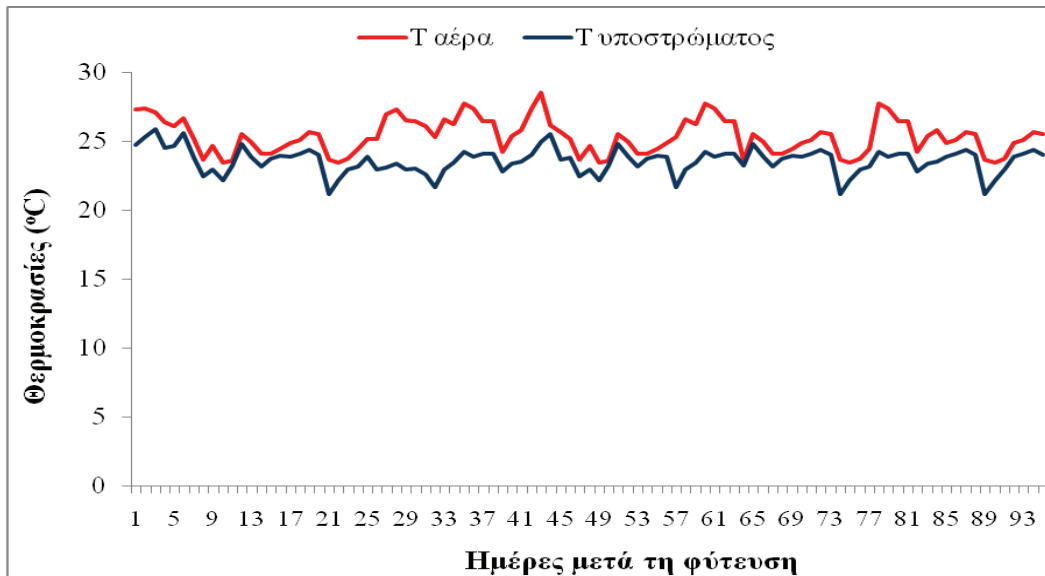
Δύσκολες <30%	Μέτριες 30-50%	Εύκολες >50%
Santa Caterina	San Agestino	Arbequina
San Francisco	Casaliva	Barnea
Coratina	Itrana	Frantoio
Ascolana	Leccino	Manzanilla
Uovo de Piccione	Dolce Agogia	Carolea
Picholine	Manzanillo	Frangivento
Moraiolo	Picholine	Leucocarpa
Giaraffa	Sevillano	Bosana
Dritta	Corenzuello	Taggiasca
Shimlal	Pendolino	Toccolana
Shami	Coratina	Sargano
Nabali	Oblonga	Raja
Souri	Picual	Lechin
Meski	Gemelek	Carasquena
Gordal	Ayvalic	Temcen
Merhavia	Memeki	Dolche de Marocco
Καλαμών	Azapa	Arauka
Μεγαρείτικη	Kadesh	
Θρουμπολιά	Muhasan	
	Αμυγδαλολιά	
	Κορωνέϊκη	
	Μαστοειδής	

Η κατάταξη των ποικιλιών έγινε σύμφωνα με τη βιβλιογραφία (Fontanazza, 1993; Wiesman και Lavee, 1995).

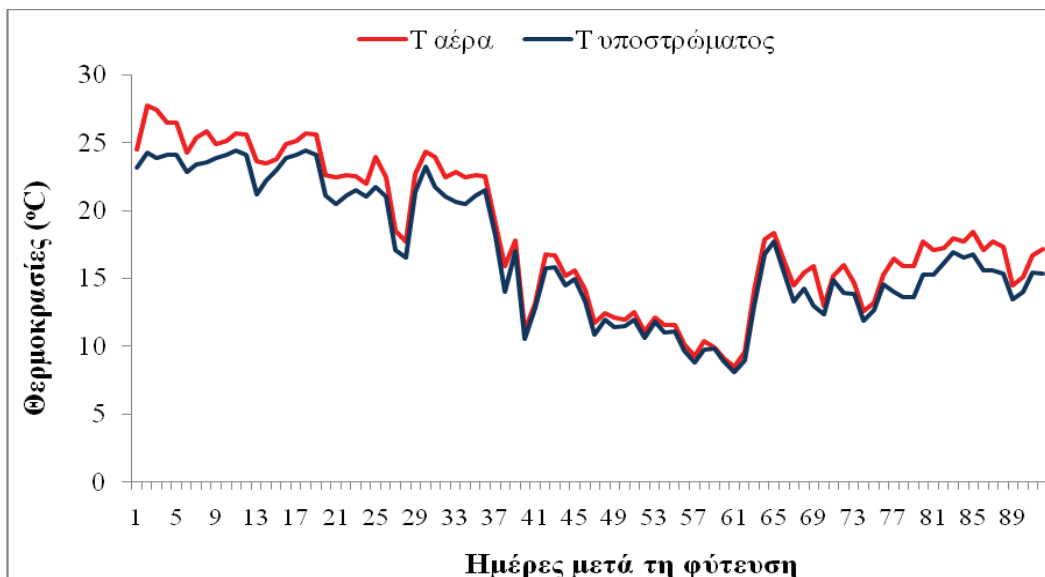


# Παράρτημα Β

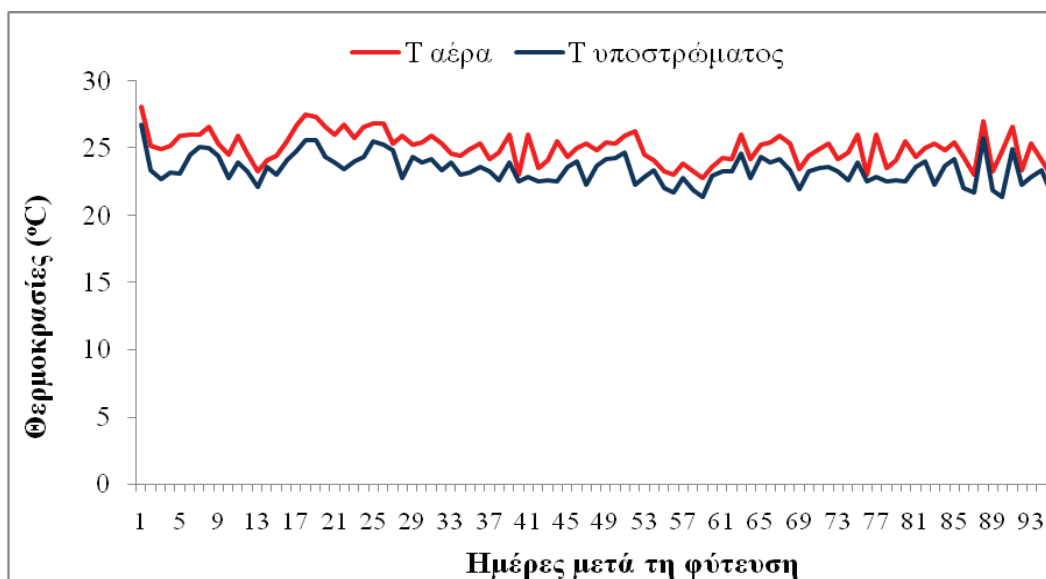
## Α. Θερμοκρασίες αέρα και υποστρώματος κατά τη διεξαγωγή των πειραμάτων



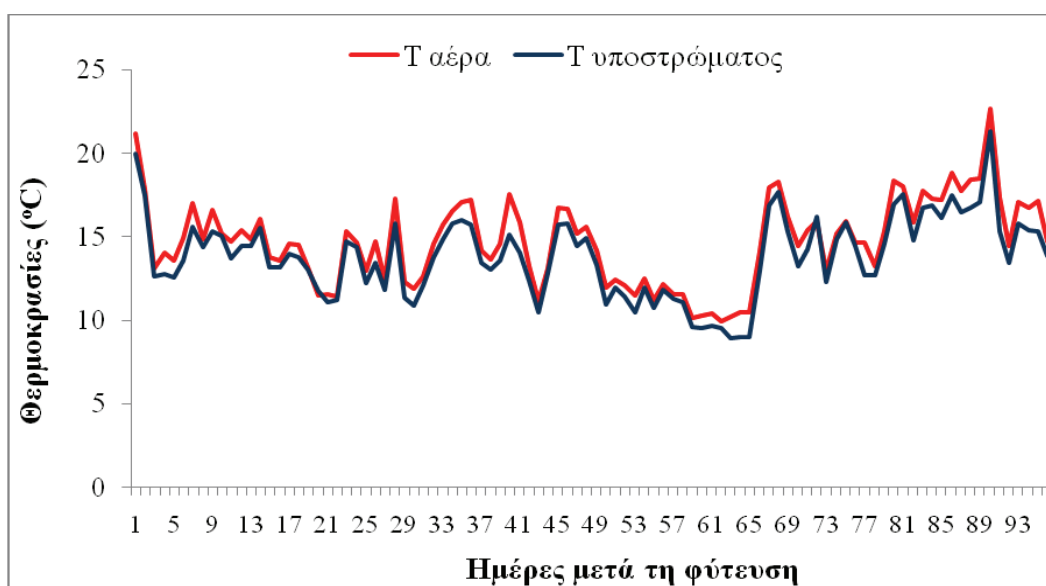
Εικόνα 31. Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Ιούλιος-Σεπτέμβριος 2008.



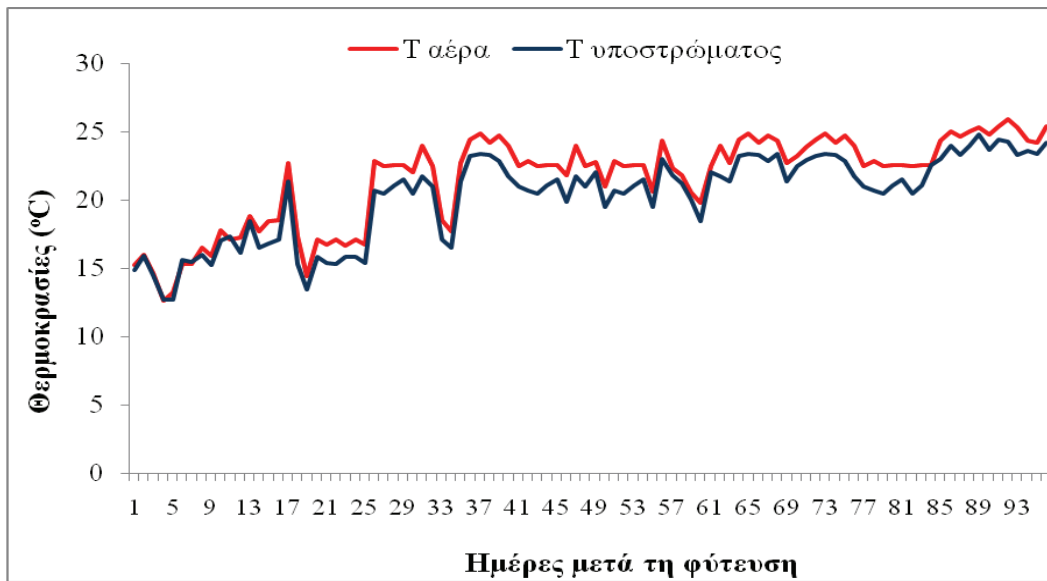
Εικόνα 32. Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Οκτώβριος-Δεκέμβριος 2008.



**Εικόνα 33.** Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Ιούλιος-Σεπτέμβριος 2009.

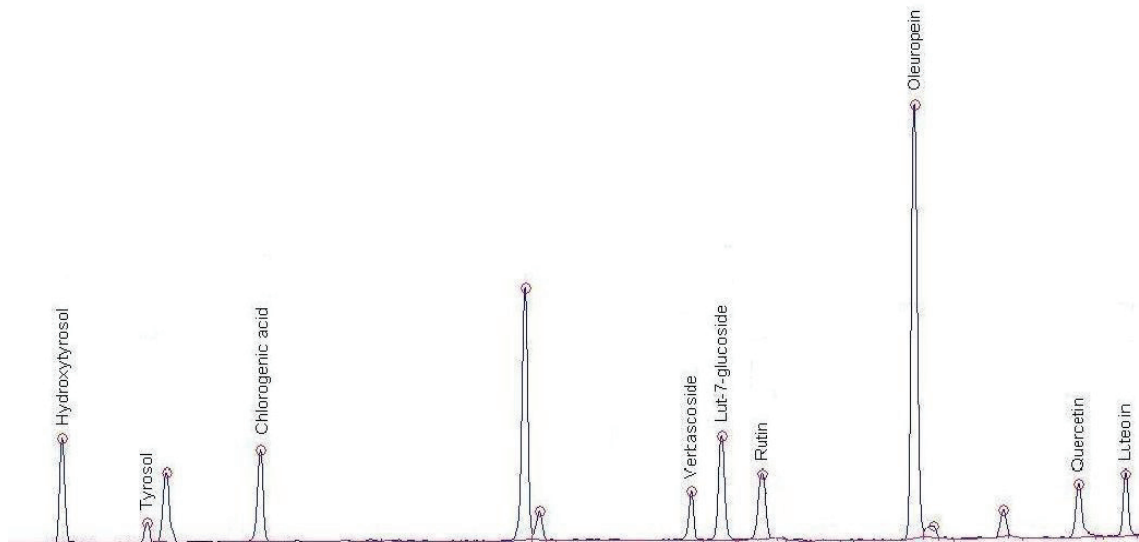


**Εικόνα 34.** Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Νοέμβριος-Φεβρουάριος 2010.



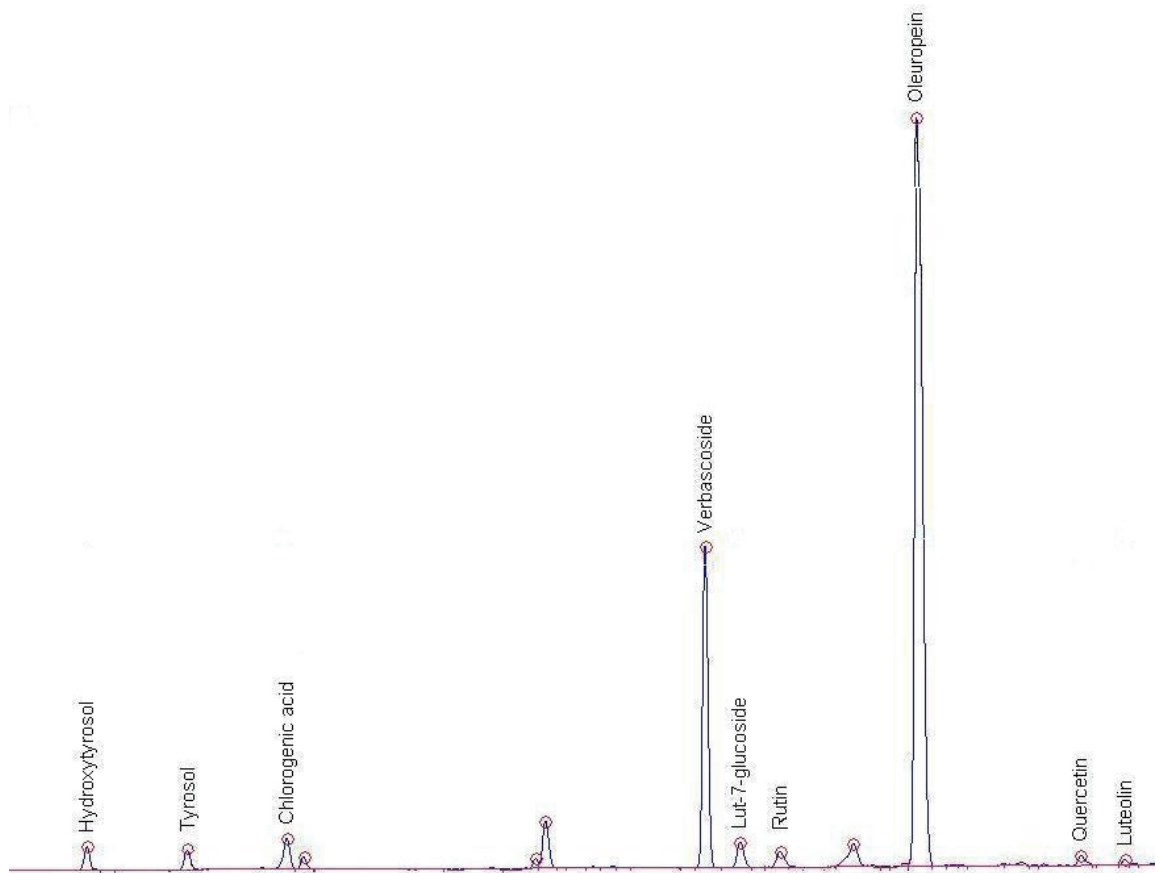
**Εικόνα 35.** Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Απρίλιος-Ιούλιος 2010.

## Β. Χρωματογραφήματα



**Εικόνα 36.** Χρωματογράφημα που παρουσιάζονται οι μεμονωμένες φαινολικές ενώσεις που ανιχνεύτηκαν στις βάσεις των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’.





**Εικόνα 37.** Χρωματογράφημα που παρουσιάζονται οι μεμονωμένες φαινολικές ενώσεις που ανιχνεύτηκαν στις βάσεις των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’.

# Κατάλογος Πινάκων

	Σελίδες
<b>Πίνακας 1.</b> Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στον αριθμό των ριζών ανά μόσχευμα στις ποικιλίες ‘Arbequina’, ‘Καλαμών’ και ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του καλοκαιριού (2008). ....	51
<b>Πίνακας 2.</b> Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στον αριθμό των ριζών ανά μόσχευμα στις ποικιλίες ‘Arbequina’, ‘Καλαμών’ και ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του φθινοπώρου (2008). ....	52
<b>Πίνακας 3.</b> Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Arbequina’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2008). ....	55
<b>Πίνακας 4.</b> Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Μαστοειδής’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2008). ....	57
<b>Πίνακας 5.</b> Επίδραση των ορμονικών επεμβάσεων και των υποστρωμάτων στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2008). ....	58
<b>Πίνακας 6.</b> Επίδραση του IBA και της εποχής στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ (καλοκαίρι 2009-2010). ....	86
<b>Πίνακας 7.</b> Επίδραση του IBA και της εποχής στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ (φθινοπώρο 2009-2010). ...	87
<b>Πίνακας 8.</b> Επίδραση του IBA και της εποχής στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ (άνοιξη 2009-2010). ....	87
<b>Πίνακας 9.</b> Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010). ....	91
<b>Πίνακας 10.</b> Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου ( $n=12$ ) (2009-2010). ....	91
<b>Πίνακας 11.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). ....	93
<b>Πίνακας 12.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). ....	95
<b>Πίνακας 13.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). ....	99
<b>Πίνακας 14.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων,	

των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	100
<b>Πίνακας 15.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	104
<b>Πίνακας 16.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων, των ολικών σακχάρων και του αμύλου στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	105
<b>Πίνακας 17.</b> Μεταβολή της ροής της κινητής φάσης για το διαχωρισμό των πολυαμινών με τη χρήση της HPLC.....	124
<b>Πίνακας 18.</b> Πρόγραμμα μεταβολής του μήκους κύματος του ανιχνευτή κατά την ανάλυση των πολυαμινών με τη χρήση της HPLC.....	124
<b>Πίνακας 19.</b> Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ελεύθερων και των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου (n=12) (2009-2010). .....	127
<b>Πίνακας 20.</b> Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ελεύθερων και των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου (n=12) (2009-2010). .....	128
<b>Πίνακας 21.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). .....	128
<b>Πίνακας 22.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). .....	129
<b>Πίνακας 23.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	131
<b>Πίνακας 24.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	132
<b>Πίνακας 25.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	134
<b>Πίνακας 26.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	135
<b>Πίνακας 27.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την	

επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). .....	154
<b>Πίνακας 28.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). .....	155
<b>Πίνακας 29.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	157
<b>Πίνακας 30.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	158
<b>Πίνακας 31.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	160
<b>Πίνακας 32.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	161
<b>Πίνακας 33.</b> Πρόγραμμα μεταβολής της κινητής φάσης κατά την ανάλυση των φαινολικών ουσιών με τη χρήση της HPLC.....	184
<b>Πίνακας 34.</b> Πρόγραμμα μεταβολής του μήκους κύματος του ανιχνευτή κατά την ανάλυση των φαινολικών ουσιών με τη χρήση της HPLC.....	184
<b>Πίνακας 35.</b> Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου (n=12) (2009-2010). .....	190
<b>Πίνακας 36.</b> Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ της ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου (n=12) (2009-2010). .....	190
<b>Πίνακας 37.</b> Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου (n=12) (2009-2010). .....	191
<b>Πίνακας 38.</b> Ανάλυση συσχέτισης μεταξύ του ποσοστού ριζοβολίας και των αρχικών συγκεντρώσεων των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ ανεξαρτήτου πειραματικής περιόδου (n=12) (2009-2010). .....	191
<b>Πίνακας 39.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). .....	192
<b>Πίνακας 40.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των	

αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). .....	193
<b>Πίνακας 41.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). .....	196
<b>Πίνακας 42.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού (2009). .....	197
<b>Πίνακας 43.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	201
<b>Πίνακας 44.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	202
<b>Πίνακας 45.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	205
<b>Πίνακας 46.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2009). .....	207
<b>Πίνακας 47.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	211
<b>Πίνακας 48.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	212
<b>Πίνακας 49.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	214
<b>Πίνακας 50.</b> Επίδραση της ποικιλίας, της επέμβασης με IBA, των ΗΜΦ και των αλληλεπιδράσεων αυτών στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο της ανοίξεως (2010). .....	216
<b>Πίνακας 51.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2010-2011). .....	246

<b>Πίνακας 52.</b> Επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Arbequina’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2010-2011). .....	248
<b>Πίνακας 53.</b> Επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2010-2011). .....	249
<b>Πίνακας 54.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2011-2012). .....	250
<b>Πίνακας 55.</b> Επίδραση των επεμβάσεων με διάφορα σκευάσματα στα ποσοστά ριζοβολίας σαπίσματος και σχηματισμού κάλλου στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του καλοκαιριού και του φθινοπώρου (2011-2012). ...	251
<b>Πίνακας 56.</b> Επίδραση του χλωρογενικού οξέος στα ποσοστά ριζοβολίας, σαπίσματος και σχηματισμού κάλλου στα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). .....	252
<b>Πίνακας 57.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012). .....	253
<b>Πίνακας 58.</b> Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των υδατανθράκων στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012)...	253
<b>Πίνακας 59.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012). .....	256
<b>Πίνακας 60.</b> Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στην ενεργότητα των ενζύμων PPO, POD και IAA oxidase στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012). .....	256
<b>Πίνακας 61.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων, των ολικών ο-δифαινολών, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβονολών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012). .....	258
<b>Πίνακας 62.</b> Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ουσιών, των ολικών ο-δифαινολών, των ολικών φλαβονοειδών και των ολικών φλαβονολών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ κατά την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). .....	259
<b>Πίνακας 63.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012). .....	262
<b>Πίνακας 64.</b> Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012). .....	262
<b>Πίνακας 65.</b> Ανάλυση διασποράς του παραγοντικού πειράματος που αφορά την επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012). .....	265

<b>Πίνακας 66.</b> Επίδραση του CGA (0,1 mM) και των ΗΜΦ στη συγκέντρωση των ολικών πολυαμινών στη βάση των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (2011-2012). .....	265
<b>Πίνακας 67.</b> Επίδραση του IBA στην ικανότητα ριζοβολίας των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’ (2010). .....	328
<b>Πίνακας 68.</b> Σύνοψη των αποτελεσμάτων της αλληλούχησης και της επεξεργασίας των αποκτηθέντων αλληλουχιών. ....	331
<b>Πίνακας 69.</b> Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Arbequina’ με αλληλουχίες κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-n). Για κάθε αποικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ). ....	332
<b>Πίνακας 70.</b> Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Arbequina’ με αλληλουχίες κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-EST). Για κάθε αποικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ). ....	336
<b>Πίνακας 71.</b> Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Arbequina’ με αλληλουχίες κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-x). Για κάθε αποικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ). ....	340
<b>Πίνακας 72.</b> Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Καλαμών’ με αλληλουχίες κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-n). Για κάθε αποικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ). ....	344
<b>Πίνακας 73.</b> Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Καλαμών’ με αλληλουχίες κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-EST). Για κάθε αποικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ). ....	348
<b>Πίνακας 74.</b> Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Καλαμών’ με αλληλουχίες κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-x). Για κάθε αποικία δίνονται μερικές μόνο αλληλουχίες, ενώ οι υπόλοιπες παρουσιάζονται αναλυτικά σε cd (Παράρτημα Γ). ....	352
<b>Πίνακας 75.</b> Αλληλουχίες που αποκτήθηκαν από την αφαιρετική cDNA βιβλιοθήκη ‘Arbequina’ – ‘Καλαμών’ (Παράρτημα Δ). ....	*
<b>Πίνακας 76.</b> Αλληλουχίες που αποκτήθηκαν από την αφαιρετική cDNA βιβλιοθήκη ‘Καλαμών’ – ‘Arbequina’ (Παράρτημα Δ). ....	*

\*Περιέχονται σε cd

# Κατάλογος Σχεδιαγραμμάτων

Σελίδες

<b>Σχεδιάγραμμα 1.</b> Επίδραση του υποστρώματος στη ριζοβολία των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’, ‘Καλαμών’ και ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του καλοκαιριού (2008). Μέσοι που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=4$ ). .....	48
<b>Σχεδιάγραμμα 2.</b> Επίδραση του υποστρώματος στη ριζοβολία των μοσχευμάτων των ποικιλιών ‘Arbequina’, ‘Καλαμών’ και ‘Μαστοειδής’ για την περίοδο του φθινοπώρου (2008). Μέσοι που ακολουθούνται από το ίδιο γράμμα δε διαφέρουν στατιστικά σημαντικά σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=4$ ). .....	49
<b>Σχεδιάγραμμα 3.</b> Αρχική συγκέντρωση των μεμονωμένων διαλυτών σακχάρων (α-στ), των ολικών σακχάρων (ζ) και του αμύλου (η) στις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	90
<b>Σχεδιάγραμμα 4.</b> Μεταβολές της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	97
<b>Σχεδιάγραμμα 5.</b> Μεταβολές της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	102
<b>Σχεδιάγραμμα 6.</b> Μεταβολές της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	107
<b>Σχεδιάγραμμα 7.</b> Αρχική συγκέντρωση ολικών πολυαμινών (α-δ) κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	125
<b>Σχεδιάγραμμα 8.</b> Αρχική συγκέντρωση ελεύθερων πολυαμινών (α-β) και % συγκέντρωση ελεύθερων/ολικών πολυαμινών (γ-δ) κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	126
<b>Σχεδιάγραμμα 9.</b> Μεταβολές των ολικών πολυαμινών (α-δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ	



των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	130
<b>Σχεδιάγραμμα 10.</b> Μεταβολές των ολικών πολυαμινών ( $\alpha$ - $\delta$ ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	133
<b>Σχεδιάγραμμα 11.</b> Μεταβολές των ολικών πολυαμινών ( $\alpha$ - $\delta$ ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	136
<b>Σχεδιάγραμμα 12.</b> Αρχική ενεργότητα ενζύμων ( $\alpha$ - $\gamma$ ) στις τρεις πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	153
<b>Σχεδιάγραμμα 13.</b> Μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων PPO ( $\alpha$ ), POD ( $\beta$ ) και IAA oxidase ( $\gamma$ ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	156
<b>Σχεδιάγραμμα 14.</b> Μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων PPO ( $\alpha$ ), POD ( $\beta$ ) και IAA oxidase ( $\gamma$ ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	159
<b>Σχεδιάγραμμα 15.</b> Μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων PPO ( $\alpha$ ), POD ( $\beta$ ) και IAA oxidase ( $\gamma$ ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	162
<b>Σχεδιάγραμμα 16.</b> Αρχική συγκέντρωση φαινολικών ουσιών ( $\alpha$ - $\delta$ ) κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	186
<b>Σχεδιάγραμμα 17 (α-στ).</b> Αρχική συγκέντρωση μεμονωμένων φαινολικών ουσιών κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	188
<b>Σχεδιάγραμμα 17 (ζ-θ).</b> Αρχική συγκέντρωση μεμονωμένων φαινολικών ουσιών κατά τις διάφορες πειραματικές περιόδους (2009-2010). Μέσοι όροι που ακολουθούνται από διαφορετικό γράμμα διαφέρουν στατιστικά σημαντικά μεταξύ τους σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	189

- Σχεδιάγραμμα 18.** Μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων (α), των ολικών ο-διφαινολών (β), των ολικών φλαβονοειδών (γ) και των ολικών φλαβονολών (δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ). ..... 194
- Σχεδιάγραμμα 19 (α-στ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ). ..... 199
- Σχεδιάγραμμα 19 (ζ-θ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του καλοκαιριού (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ). ..... 200
- Σχεδιάγραμμα 20.** Μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων (α), των ολικών ο-διφαινολών (β), των ολικών φλαβονοειδών (γ) και των ολικών φλαβονολών (δ), στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ). ..... 204
- Σχεδιάγραμμα 21 (α-στ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ). ..... 209
- Σχεδιάγραμμα 21 (ζ-θ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2009). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ). ..... 210
- Σχεδιάγραμμα 22.** Μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων (α), των ολικών ο-διφαινολών (β), των ολικών φλαβονοειδών (γ) και των ολικών φλαβονολών (δ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ). ..... 213
- Σχεδιάγραμμα 23 (α-στ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας  $\alpha=0,05$  ( $n=8$ ). ..... 218
- Σχεδιάγραμμα 23 (ζ-θ).** Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο της ανοίξεως (2010). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD

σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	219
<b>Σχεδιάγραμμα 24.</b> Μεταβολές της συγκέντρωσης των διαλυτών σακχάρων στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στις δύο ποικιλίες την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	255
<b>Σχεδιάγραμμα 25.</b> Μεταβολές της ενεργότητας των ενζύμων PPO ( $\alpha$ ), POD ( $\beta$ ) και IAA oxidase ( $\gamma$ ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ στην ποικιλία ‘Καλαμών’ την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	257
<b>Σχεδιάγραμμα 26.</b> Μεταβολές στη συγκέντρωση των ολικών φαινολικών ενώσεων ( $\alpha$ ), των ολικών ο-δифαινολών ( $\beta$ ), των ολικών φλαβονοειδών ( $\gamma$ ) και των ολικών φλαβονολών ( $\delta$ ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στην ποικιλία ‘Καλαμών’ την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	260
<b>Σχεδιάγραμμα 27 (α-στ).</b> Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	263
<b>Σχεδιάγραμμα 27 (ζ-θ).</b> Μεταβολές στη συγκέντρωση των μεμονωμένων φαινολικών ουσιών στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’ την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	264
<b>Σχεδιάγραμμα 28.</b> Μεταβολές των ολικών πολυαμινών ( $\alpha$ - $\delta$ ) στις πρώτες 15 ΗΜΦ των μοσχευμάτων στην ποικιλία ‘Καλαμών’ την περίοδο του φθινοπώρου (2011-2012). Οι κάθετες μπάρες είναι το τυπικό σφάλμα της ανάλυσης διασποράς σύμφωνα με τη δοκιμασία πολλαπλών μέσων του Tukey HSD σε επίπεδο σημαντικότητας $\alpha=0,05$ ( $n=8$ ). .....	266
<b>Σχεδιάγραμμα 29.</b> Κατηγοριοποίηση στις διάφορες βιολογικές διαδικασίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Καλαμών’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’ (υλικό από μοσχεύματα). .....	356
<b>Σχεδιάγραμμα 30.</b> Κατηγοριοποίηση στις διάφορες βιολογικές διαδικασίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Arbequina’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’ (υλικό από μοσχεύματα). .....	357
<b>Σχεδιάγραμμα 31.</b> Κατηγοριοποίηση στις διάφορες κυτταρικές λειτουργίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Καλαμών’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’ (υλικό από μοσχεύματα). .....	358
<b>Σχεδιάγραμμα 32.</b> Κατηγοριοποίηση στις διάφορες κυτταρικές λειτουργίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Arbequina’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’ (υλικό από μοσχεύματα). .....	358
<b>Σχεδιάγραμμα 33.</b> Κατηγοριοποίηση στις διάφορες μοριακές διαδικασίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Καλαμών’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’ (υλικό από μοσχεύματα). .....	359

<b>Σχεδιάγραμμα 34.</b> Κατηγοριοποίηση στις διάφορες μοριακές διαδικασίες των αποκτηθέντων αλληλουχιών της ποικιλίας ‘Arbequina’ που αλληλουχήθηκαν από τη μοριακή αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’ (υλικό από μοσχεύματα). .....	359
<b>Σχεδιάγραμμα 35.</b> Κατανομή των ομόλογων, προς τις απομονωθείσες αλληλουχίες της ποικιλίας ‘Καλαμών’, αλληλουχιών σε διάφορα φυτικά είδη. ....	360
<b>Σχεδιάγραμμα 36.</b> Κατανομή των ομόλογων, προς τις απομονωθείσες αλληλουχίες της ποικιλίας ‘Arbequina’, αλληλουχιών σε διάφορα φυτικά είδη. ....	361



# Κατάλογος Εικόνων

	Σελίδες
<b>Εικόνα 1.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’.	45
<b>Εικόνα 2.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’.	45
<b>Εικόνα 3.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Μαστοειδής’.	45
<b>Εικόνα 4.</b> Θήκες για τη φύτευση των μοσχευμάτων με οργανικό υπόστρωμα με βάση τη τύρφη-jiffy pots (αριστερά) (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands) και υπόστρωμα τύρφη-περλίτης σε αναλογία 1:1 (δεξιά).	46
<b>Εικόνα 5.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ που ριζοβόλησαν, σχημάτισαν κάλλο ή σάπισαν.	53
<b>Εικόνα 6.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Μαστοειδής’ που σχημάτισαν κάλλο ή σάπισαν.	53
<b>Εικόνα 7.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ που σχημάτισαν κάλλο ή σάπισαν..	54
<b>Εικόνα 8.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά) φυτεμένα σε οργανικό υπόστρωμα (jiffy pots) με βάση την τύρφη (Preforma Plug/240 M1413 Vecol, Jiffy, the Netherlands).	80
<b>Εικόνα 9.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ με σχηματισμένο κάλλο (αριστερά) και ρίζα (δεξιά) (2009-2010).	87
<b>Εικόνα 10.</b> Ριζοβολημένα μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ (2009-2010).	88
<b>Εικόνα 11.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Arbequina’ εντός της μονάδας της υδρονέφωσης 15 ημέρες μετά τη φύτευση (2009-2010).	88
<b>Εικόνα 12.</b> Μοσχεύματα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ εντός της μονάδας της υδρονέφωσης 15 ημέρες μετά τη φύτευση (2009-2010).	88
<b>Εικόνα 13.</b> Βάση μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ με σχηματισμό κάλλου σε αρχικό στάδιο.	287
<b>Εικόνα 14.</b> Σχηματισμός ρίζας σε μόσχευμα της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και σε μόσχευμα της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά).	287
<b>Εικόνα 15.</b> Εγκάρσια τομή βάσης μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο του καλοκαιριού.	288
<b>Εικόνα 16.</b> Εγκάρσια τομή βάσης μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο του φθινοπώρου.	288
<b>Εικόνα 17.</b> Εγκάρσια τομή βάσης μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο της ανοίξεως.	289
<b>Εικόνα 18.</b> Σκληρεγχοματικός δακτύλιος στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο του καλοκαιριού.	289
<b>Εικόνα 19.</b> Σκληρεγχοματικός δακτύλιος στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο του φθινοπώρου.	289
<b>Εικόνα 20.</b> Σκληρεγχοματικός δακτύλιος στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο της ανοίξεως.	290
<b>Εικόνα 21.</b> Φλοιώδες παρέγχυμα στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο του	290

καλοκαιριού. ....	
<b>Εικόνα 22.</b> Φλοιώδες παρέγχυμα στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο του φθινοπώρου. ....	290
<b>Εικόνα 23.</b> Φλοιώδες παρέγχυμα στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ (αριστερά) και της ποικιλίας ‘Καλαμών’ (δεξιά), την περίοδο της ανοίξεως. ....	291
<b>Εικόνα 24.</b> Επιμήκης τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ όπου παρατηρούμε το μεριστωματικό σχηματισμό που θα αποτελέσει το ριζικό αρχέγονο. ....	291
<b>Εικόνα 25.</b> Εγκάρσια τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Arbequina’ όπου παρατηρούμε τα διαφοροποιημένα κύτταρα (άνω) και το ‘σπάσιμο’ του σκληροεγγυματικού δακτυλίου (κάτω). ....	292
<b>Εικόνα 26.</b> Εγκάρσια τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Καλαμών’ όπου παρατηρούμε το σχηματισμό της ριζικής καταβολής και το σπάσιμο του σκληροεγγυματικού δακτυλίου σε διαφορετικό βάθος κοπής της τομής (Κλίμακα 500 μm). ....	293
<b>Εικόνα 27.</b> Επιμήκης τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Καλαμών’ με κάλλο όπου παρατηρούμε διαφοροποιημένα κύτταρα. ....	294
<b>Εικόνα 28.</b> Επιμήκης τομή στη βάση του μοσχεύματος της ποικιλίας ‘Καλαμών’ όπου παρατηρούμε το σχηματισμό φελλού και διαφοροποιημένα κύτταρα στο σημείο τραυματισμού. ....	294
<b>Εικόνα 29.</b> Ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της δεύτερης PCR του Κ.Α.Υ. 1) 100 bp DNA Ladder, προϊόντα δεύτερης PCR από: 2) Μοριακή αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’, 3) ‘Καλαμών’, 4) Μοριακή αφαίρεση ‘Arbequina’ - ‘Καλαμών’, 5) ‘Arbequina’, και 6) 1 kb DNA Ladder. ....	329
<b>Εικόνα 30.</b> Ηλεκτροφόρηση των προϊόντων της δεύτερης PCR του Κ.Α.Υ. 1) 100 bp DNA Ladder, προϊόντα δεύτερης PCR από: 2 και 3) Μοριακή αφαίρεση ‘Καλαμών’-‘Arbequina’, 4 και 5) Μοριακή αφαίρεση ‘Arbequina’-‘Καλαμών’, και 6) 100 bp DNA Ladder. ....	330
<b>Εικόνα 31.</b> Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Ιούλιος-Σεπτέμβριος 2008. ....	397
<b>Εικόνα 32.</b> Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Οκτώβριος-Δεκέμβριος 2008. ....	397
<b>Εικόνα 33.</b> Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Ιούλιος-Σεπτέμβριος 2009. ....	398
<b>Εικόνα 34.</b> Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Νοέμβριος-Φεβρουάριος 2010. ....	398
<b>Εικόνα 35.</b> Διακύμανση της θερμοκρασίας του αέρα και του υποστρώματος κατά τη χρονική περίοδο Απρίλιος-Ιούλιος 2010. ....	399
<b>Εικόνα 36.</b> Χρωματογράφημα που παρουσιάζονται οι μεμονωμένες φαινολικές ενώσεις που ανιχνεύτηκαν στις βάσεις των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Arbequina’..	399
<b>Εικόνα 37.</b> Χρωματογράφημα που παρουσιάζονται οι μεμονωμένες φαινολικές ενώσεις που ανιχνεύτηκαν στις βάσεις των μοσχευμάτων της ποικιλίας ‘Καλαμών’...	400

# Κατάλογος Σχημάτων

	Σελίδες
<b>Σχήμα 1.</b> Δομή των πολυαμινών: α) πουτρεσκίνη, β) σπερμιδίνη και γ) σπερμίνη. ....	120
<b>Σχήμα 2.</b> Δομή φλαβονοειδών ενώσεων (Martens και Mithöfer, 2005). .....	177
<b>Σχήμα 3.</b> Χημική δομή κυριότερων κατηγοριών φλαβονοειδών ενώσεων (D'Archivio et al., 2007). .....	177
<b>Σχήμα 4.</b> Σχηματική αναπαράσταση του Κατασταλτικού Αφαιρετικού Υβριδισμού (Anonymous 1, 2007). .....	307





# Παράρτημα Γ

## Διαφορική έκφραση γονιδίων σε μοσχεύματα ελιάς των ποικιλιών ‘Arbequina’ και ‘Καλαμών’

Παρακάτω παρουσιάζονται σε πίνακες τα αποτελέσματα της σύγκρισης των αποκτηθέντων ‘καθαρών’ αλληλουχιών με τις αλληλουχίες που είναι κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για νουκλεοτίδια (Blast-nt, Πίνακες 69 και 72), για ESTs (Blast-EST, Πίνακες 70 και 73) και για πρωτεΐνες (Blastx, Πίνακες 71 και 74).

**Πίνακας 69.** Σύγκριση των αλληλοφυγιών που εκφορδώνονται στην ποικιλία 'Arbequina' με αλληλοφυγίες καταρθεμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτιδία (BLAST-n).

Αρ. ατοκίας	Μήκος αλληλοφυγίας (bp)	Αλληλοφυγίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλοφυγίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη ρηρηφοφία
1	987	Potato pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase (PFP) beta-subunit mRNA, complete cds	81%	0.0	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
		<i>Solanum lycopersicum</i> pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta-like (LOC101243849), misc RNA	81%	0.0	81%	<i>Solanum lycopersicum</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
		<i>Vitis vinifera</i> pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta-like (LOC100256839), mRNA	82%	0.0	81%	<i>Vitis vinifera</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
		<i>Populus trichocarpa</i> pyrophosphate-fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase beta subunit family protein (POPTR_0011s02000g) mRNA, complete cds	82%	0.0	80%	<i>Populus trichocarpa</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
		<i>Nicotiana tabacum</i> cultivar SRI pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase beta subunit (PFP) mRNA, partial cds	75%	0.0	82%	<i>Nicotiana tabacum</i>	pyrophosphate-dependent phosphofructokinase
		<i>Citrus X paradisi</i> pyrophosphate-dependent phosphofructokinase beta subunit (PPl-PFKb) mRNA, complete cds	82%	0.0	80%	<i>Citrus paradisi</i>	pyrophosphate-dependent phosphofructokinase
		<i>Citrus sinensis</i> x <i>Poncirus trifoliata</i> pyrophosphate-dependent phosphofructokinase beta subunit mRNA, complete cds	82%	0.0	80%	<i>Citrus sinensis</i> x <i>Poncirus trifoliata</i>	phosphofructokinase
		<i>Eriobotrya japonica</i> phosphofructokinase beta subunit (PFKb) mRNA, complete cds	77%	0.0	81%	<i>Eriobotrya japonica</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
		<i>Cucumis sativus</i> pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta 1-like (LOC101215219), mRNA	82%	0.0	79%	<i>Cucumis sativus</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
		<i>Glycine max</i> pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta-like (LOC100804429), mRNA	82%	0.0	79%	<i>Glycine max</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase

**Πίνακας 69.** Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E. value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Medicago truncatula Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta (MTR_2g025020) mRNA, complete cds	81%	0.0	79%	<i>Medicago truncatula</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta-like (LOC101305245), mRNA	81%	0.0	79%	<i>Fragaria vesca</i>	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
4	850	<i>Vitis vinifera</i> laccase-14-like (LOC100254477), mRNA	85%	2,00E-83	70%	<i>Vitis vinifera</i>	laccase-14
		<i>Vitis vinifera</i> putative laccase-9-like (LOC100259287), mRNA	64%	3,00E-68	71%	<i>Vitis vinifera</i>	laccase-9
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0005s22230g) mRNA, complete cds	45%	4,00E-66	75%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		<i>Solanum lycopersicum</i> laccase-14-like (LOC101261512), mRNA	43%	4,00E-66	76%	<i>Solanum lycopersicum</i>	laccase-14
		<i>Ricinus communis</i> laccase, putative, mRNA	42%	3,00E-49	73%	<i>Ricinus communis</i>	laccase
		<i>Rosa</i> hybrid cultivar putative laccase mRNA, complete cds	88%	4,00E-48	67%	<i>Rosa</i>	laccase
		<i>Vitis vinifera</i> laccase-15-like (LOC100258638), partial mRNA	42%	2,00E-45	72%	<i>Vitis vinifera</i>	laccase-15
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> laccase-15-like (LOC101291175), mRNA	90%	3,00E-42	66%	<i>Fragaria vesca</i>	laccase-15
		<i>Vitis vinifera</i> contig VV78X023978.9, whole genome shotgun sequence	64%	3,00E-42	70%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Solanum lycopersicum</i> laccase-15-like (LOC101254671), mRNA	44%	5,00E-40	70%	<i>Solanum lycopersicum</i>	laccase-15
		<i>Vitis vinifera</i> contig VV78X059381.3, whole genome shotgun sequence	42%	5,00E-40	75%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Glycine max</i> laccase-14-like (LOC100793354), mRNA	42%	2,00E-33	70%	<i>Glycine max</i>	laccase-14
		<i>Cucumis sativus</i> laccase-14-like (LOC101222305), mRNA >ref XM_004154460.1  PREDICTED: <i>Cucumis sativus</i> laccase-14-like (LOC101222305), mRNA	37%	2,00E-27	70%	<i>Cucumis sativus</i>	laccase-14
		<i>Solanum lycopersicum</i> F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC101259126), mRNA	98%	0.0	82%	<i>Solanum lycopersicum</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
7	1099	<i>Vitis vinifera</i> F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC100242432), mRNA	98%	0.0	82%	<i>Vitis vinifera</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. απουκίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράντζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρεά ή άλλη πληροφορία
		Solanum tuberosum F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC102586364), transcript variant X2, mRNA	98%	0.0	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		Ricinus communis conserved hypothetical protein, mRNA	98%	0.0	82%	<i>Ricinus communis</i>	conserved hypothetical protein
		Nicotiana tabacum mRNA for hypothetical protein (mc307 gene)	98%	0.0	81%	<i>Nicotiana tabacum</i>	mRNA for hypothetical protein
		Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0017s00410g) mRNA, complete cds	98%	0.0	81%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		Fragaria vesca subsp. vesca F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC101297382), mRNA	98%	0.0	79%	<i>Fragaria vesca</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		Cucumis sativus F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC101224921), mRNA	98%	0.0	79%	<i>Cucumis sativus</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		Cicer arretinum F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC101501816), mRNA	97%	0.0	79%	<i>Cicer arretinum</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		Arabidopsis lyrata subsp. lyrata hypothetical protein, mRNA	98%	0.0	77%	<i>Arabidopsis lyrata</i>	hypothetical protein
		Arabidopsis thaliana Ankyrin repeat family protein mRNA, complete cds	98%	0.0	76%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Ankyrin repeat family protein
10	976	Olea europaea mRNA for beta-1,3-glucanase (glu-4 gene) (LOC102592995), mRNA	27%	1,00E-99	91%	<i>Olea europaea</i>	1,3-glucanase
		Solanum tuberosum ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC102592995), mRNA	35%	2,00E-76	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	ATP synthase subunit O
		Solanum lycopersicum ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC101244808), mRNA	35%	2,00E-76	79%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ATP synthase subunit O
		Vitis vinifera ATP synthase subunit O, mitochondrial-like, transcript variant 1 (LOC100241422), mRNA	36%	1,00E-68	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ATP synthase subunit O
		Ricinus communis ATP synthase delta chain, putative, mRNA	35%	3,00E-68	77%	<i>Ricinus communis</i>	ATP synthase delta chain
		Fragaria vesca subsp. vesca ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC101295269), mRNA	35%	1,00E-61	76%	<i>Fragaria vesca</i>	ATP synthase subunit O
		Cucumis sativus ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC101231522), mRNA	37%	1,00E-54	73%	<i>Cucumis sativus</i>	ATP synthase subunit O
		Phaseolus vulgaris clone BE3156 oligomycin sensitivity conferring protein mRNA, complete cds	35%	1,00E-47	73%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	oligomycin sensitivity conferring protein

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E. value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Glycine max ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC100790990), mRNA	35%	1,00E-41	71%	<i>Glycine max</i>	ATP synthase subunit O
		Populus x canescens beta-1,3 glucanase (BGLUC) mRNA, complete cds	26%	2,00E-38	74%	<i>Populus canescens</i>	1,3 glucanase
		Prunus persica beta-1,3-glucanase (Gns3) gene, complete cds	26%	1,00E-36	74%	<i>Prunus persica</i>	1,3-glucanase
		Malus domestica beta-1,3-glucanase (GLU-1) mRNA, partial cds	23%	1,00E-35	76%	<i>Malus domestica</i>	1,3-glucanase
16	1234	Solanum tuberosum adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic-like (LOC102600759), mRNA	21%	2,00E-78	85%	<i>Solanum tuberosum</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
		Vitis vinifera adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic-like (LOC100245536), mRNA	21%	1,00E-68	82%	<i>Vitis vinifera</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
		Arabidopsis thaliana adenine phosphoribosyl transferase 1 mRNA, complete cds	20%	2,00E-59	81%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
		Ricinus communis Adenine phosphoribosyltransferase, putative, mRNA	21%	1,00E-56	79%	<i>Ricinus communis</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
		Castanea crenata mRNA, microsatellite: PEB24, complete sequence	20%	4,00E-56	80%	<i>Castanea crenata</i>	microsatellite: PEB24
		Populus trichocarpa adenine phosphoribosyltransferase 1 family protein (POPTR_0014s01740g) mRNA, complete cds	21%	5,00E-55	79%	<i>Populus trichocarpa</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
		Cicer arietinum adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic-like (LOC101499678), mRNA	19%	5,00E-55	81%	<i>Cicer arietinum</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
		Fragaria vesca subsp. vesca adenine phosphoribosyltransferase 1-like (LOC101313211), mRNA	19%	4,00E-50	79%	<i>Fragaria vesca</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
		Cucumis sativus adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic-like (LOC101208231), mRNA	19%	1,00E-48	79%	<i>Cucumis sativus</i>	adenine phosphoribosyltransferase 1
17	1183	Solanum tuberosum uncharacterized LOC102589677 (LOC102589677), mRNA	28%	2,00E-34	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	
		Solanum lycopersicum uncharacterized LOC101246994 (LOC101246994), mRNA	27%	3,00E-32	70%	<i>Solanum lycopersicum</i>	
		Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0024s00700g) mRNA, complete cds	20%	3,00E-31	73%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		Glycine max uncharacterized LOC100500202 (LOC100500202), mRNA >gb	19%	1,00E-24	72%	<i>Glycine max</i>	

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. απουκίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράντζας Γουδιών που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρε ή άλλη πληροφορία
		<i>Vitis vinifera</i> uncharacterized LOC100261125, transcript variant 3 (LOC100261125), mRNA	18%	2,00E-20	71%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 5, complete sequence	22%	4,00E-11	68%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 5
		<i>Solanum lycopersicum</i> cv. Heinz 1706, chromosome 5 BAC clone C05SI.m011818, complete sequence	3%	1,00E-05	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 5
		<i>Populus EST</i> from mild drought-stressed leaves	7%	4,00E-05	90%	<i>Populus</i>	EST from mild drought-stressed leaves
		<i>Zea mays</i> clone 423929 DNA-3-methyladenine glycosylase I mRNA, complete cds	3%	1,00E-04	88%	<i>Zea mays</i>	DNA-3-methyladenine glycosylase I
18	1016	<i>Camellia sinensis</i> general transcription factor mRNA, complete cds	98%	0.0	77%	<i>Camellia sinensis</i>	general transcription factor
		<i>Vitis vinifera</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC100249755), mRNA	98%	0.0	77%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Solanum tuberosum</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC102603411), mRNA	99%	0.0	76%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Solanum lycopersicum</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC101251518), mRNA	99%	0.0	76%	<i>Solanum lycopersicum</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Populus trichocarpa</i> transcription factor-related family protein (POPTR_0007s04010g), mRNA, complete cds	98%	5,00E-123	70%	<i>Populus trichocarpa</i>	transcription factor
		<i>Cucumis sativus</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC101224181), mRNA	84%	3,00E-88	69%	<i>Cucumis sativus</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Solanum lycopersicum</i> strain Heinz 1706 chromosome 1 clone hba-60a6 map 1, complete sequence	78%	3,00E-19	82%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 1
21	1020	<i>Solanum tuberosum</i> acidic mammalian chitinase-like (LOC102600109), mRNA	88%	1,00E-68	67%	<i>Solanum tuberosum</i>	acidic mammalian chitinase
		<i>Vitis vinifera</i> acidic mammalian chitinase-like, mRNA	76%	1,00E-66	68%	<i>Vitis vinifera</i>	acidic mammalian chitinase
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein mRNA, complete cds	88%	2,00E-64	66%	<i>Populus trichocarpa</i>	

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E. value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Ricinus communis chitinase, putative, mRNA	84%	1,00E-54	66%	<i>Ricinus communis</i>	chitinase
		Cucumis sativus acidic mammalian chitinase-like (LOC101214415), mRNA	62%	4,00E-23	64%	<i>Cucumis sativus</i>	acidic mammalian chitinase
		Fragaria vesca subsp. vesca acidic mammalian chitinase-like (LOC101304041), mRNA	45%	2,00E-15	65%	<i>Fragaria vesca</i>	acidic mammalian chitinase
25	1129	Solanum tuberosum phosphoinositide phosphatase SAC8-like (LOC102581090), mRNA	98%	0.0	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	phosphoinositide phosphatase
		Vitis vinifera phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like, transcript variant 1 (LOC100267852), mRNA	99%	0.0	78%	<i>Vitis vinifera</i>	phosphatidylinositide phosphatase
		Populus trichocarpa phosphoinositide phosphatase family protein (POPTR_0016s12570g), mRNA, complete cds	99%	0.0	75%	<i>Populus trichocarpa</i>	phosphoinositide phosphatase
		Ricinus communis suppressor of actin, putative, mRNA	99%	0.0	74%	<i>Ricinus communis</i>	suppressor of actin
		Cicer arietinum phosphoinositide phosphatase SAC8-like (LOC101514988), transcript variant X4, mRNA	98%	0.0	74%	<i>Cicer arietinum</i>	phosphoinositide phosphatase
		Fragaria vesca subsp. vesca phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like (LOC101308478), mRNA	99%	0.0	74%	<i>Fragaria vesca</i>	phosphatidylinositide phosphatase
		Malus domestica mRNA, microsatellite: MEST138, clone: FLW01_30_D06	28%	5,00E-60	76%	<i>Malus domestica</i>	microsatellite: MEST138
31	226	Nicotiana tabacum ADH-like UDP-glucose dehydrogenase mRNA, complete cds	79%	2,00E-43	83%	<i>Nicotiana tabacum</i>	ADH-like UDP-glucose dehydrogenase
		Populus trichocarpa alcohol-dehydrogenase family protein (POPTR_0007s03890g), mRNA, complete cds	70%	3,00E-42	85%	<i>Populus trichocarpa</i>	alcohol-dehydrogenase
		Cucumis sativus uncharacterized LOC101228399 (LOC101228399), misc_RNA	76%	5,00E-39	85%	<i>Cucumis sativus</i>	
		Solanum lycopersicum alcohol dehydrogenase (ADH2), mRNA >gb M86724.1 TOMADH2A Lycopersicon esculentum alcohol dehydrogenase-2 (adh2), mRNA, complete cds	78%	5,00E-39	82%	<i>Solanum lycopersicum</i>	alcohol dehydrogenase
		Vitis vinifera alcohol dehydrogenase 1-like (LOC100250633), mRNA	68%	3,00E-36	83%	<i>Vitis vinifera</i>	alcohol dehydrogenase
		Citrus paradisi alcohol dehydrogenase mRNA, complete cds	68%	1,00E-33	81%	<i>Citrus paradisi</i>	alcohol dehydrogenase
		Arabidopsis thaliana alcohol dehydrogenase 1 mRNA, complete cds	55%	2,00E-31	85%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	alcohol dehydrogenase



**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. ακολουθίας	Μήκος ακολουθίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράμψας Γουόϊκον που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρεά ή άλλη πληροφορία
		<i>Prunus cerasifera</i> cultivar Myrobalan alcohol dehydrogenase-like mRNA, complete sequence	62%	2,00E-30	82%	<i>Prunus cerasifera</i>	alcohol dehydrogenase
33	309	<i>Oryza sativa</i> cDNA clone:OSIGCFA225E23, full insert sequence	77%	3,00E-82	89%	<i>Oryza sativa</i>	
		<i>Oryza sativa</i> Japonica Group U box domain-containing protein mRNA, complete cds	77%	3,00E-81	88%	<i>Oryza sativa</i>	U box domain
		<i>Oryza sativa</i> Japonica Group clone KCS3336E07 histone H3 mRNA, complete cds	77%	3,00E-81	88%	<i>Oryza sativa</i>	histone H3
		<i>Oryza sativa</i> Japonica Group clone KCS3336E07 histone H3 mRNA, complete cds	77%	3,00E-81	88%	<i>Oryza sativa</i>	histone H3
		<i>Oryza sativa</i> disease-resistant-related protein (RH3) mRNA, complete cds	77%	2,00E-78	88%	<i>Oryza sativa</i>	disease-resistant-related protein
		<i>Prunus persica</i> histone variant H3.3 mRNA, complete cds	76%	2,00E-77	88%	<i>Prunus persica</i>	histone H3.3
		<i>Pyrus pyrifolia</i> var. culta mRNA for putative histone H3, partial cds, clone: HistoneH3#1	76%	2,00E-77	88%	<i>Pyrus pyrifolia</i>	histone H3
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. vesca histone H3.3-like (LOC101310256), mRNA	76%	1,00E-74	87%	<i>Fragaria vesca</i>	histone H3.3
		<i>Solanum lycopersicum</i> histone H3.3-like (LOC101262275), mRNA	78%	4,00E-74	86%	<i>Solanum lycopersicum</i>	histone H3.3
		<i>Populus</i> EST from severe drought-stressed leaves	76%	5,00E-72	86%	<i>Populus</i>	severe drought-stressed leaves
		<i>Populus trichocarpa</i> histone H3 (HTR901), mRNA	76%	2,00E-71	86%	<i>Populus trichocarpa</i>	histone H3
		<i>Vitis vinifera</i> histone H3.3-like (LOC100855220), mRNA	77%	3,00E-68	85%	<i>Vitis vinifera</i>	histone H3.3
36	410	<i>Digitalis purpurea</i> small subunit ribosomal RNA (mtSSU) gene, partial sequence; mitochondrial gene for mitochondrial product	100%	0.0	98%	<i>Digitalis purpurea</i>	ribosomal RNA
		<i>Panax ginseng</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial	100%	0.0	97%	<i>Panax ginseng</i>	18S ribosomal RNA gene
		<i>Daucus carota</i> subsp. sativus mitochondrion, complete genome	100%	0.0	95%	<i>Daucus carota</i>	mitochondrion
		<i>Gossypium hirsutum</i> mitochondrion, complete genome	100%	4,00E-177	94%	<i>Gossypium hirsutum</i>	mitochondrion
		<i>Ricinus communis</i> mitochondrion, complete genome	100%	4,00E-176	94%	<i>Ricinus communis</i>	mitochondrion

**Πίνακας 69.** Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Citrus sinensis clone H08 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial	100%	5,00E-175	93%	<i>Citrus sinensis</i>	ribosomal RNA gene
		Nicotiana tabacum small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial gene for mitochondrial product	100%	2,00E-148	88%	<i>Nicotiana tabacum</i>	ribosomal RNA
		Arabidopsis thaliana mitochondrial genome	99%	3,00E-146	88%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
		Platanus occidentalis small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial gene for mitochondrial product	100%	1,00E-126	85%	<i>Platanus occidentalis</i>	ribosomal RNA
		Vitis vinifera complete mitochondrial genome, cultivar Pinot noir	100%	1,00E-113	96%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Cinnamodendron ekmanii small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial	72%	2,00E-111	98%	<i>Cinnamodendron ekmanii</i>	ribosomal RNA
38	259	Ricinus communis ATP-dependent RNA helicase, putative, mRNA	86%	5,00E-46	79%	<i>Ricinus communis</i>	ATP-dependent RNA helicase
		Glycine max pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like (LOC100817761), mRNA	89%	2,00E-38	76%	<i>Glycine max</i>	ATP-dependent RNA helicase
		Fragaria vesca subsp. vesca pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like (LOC101292001), mRNA	89%	1,00E-35	75%	<i>Fragaria vesca</i>	ATP-dependent RNA helicase
		Solanum tuberosum pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like (LOC102596865), mRNA	90%	4,00E-34	75%	<i>Solanum tuberosum</i>	ATP-dependent RNA helicase
		Solanum lycopersicum pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like (LOC101253638), mRNA	80%	2,00E-33	77%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ATP-dependent RNA helicase
		Solanum lycopersicum strain Heinz 1706 chromosome 10 clone sle-23g5 map 10, complete sequence	80%	2,00E-33	77%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 10
		Solanum lycopersicum strain Heinz 1706 chromosome 2 clone hba-11 lj2 map 2, complete sequence	80%	2,00E-33	77%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 2
		Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0010s17940g) mRNA, complete cds	86%	2,00E-32	74%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		Medicago truncatula Pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16 (MTR_2g098440) mRNA, complete cds	88%	2,00E-32	74%	<i>Medicago truncatula</i>	ATP-dependent RNA helicase
		Cucumis sativus pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like (LOC101204563), partial mRNA	84%	2,00E-26	73%	<i>Cucumis sativus</i>	ATP-dependent RNA helicase
		Arabidopsis thaliana chromosome 5, complete sequence	62%	2,00E-20	74%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 5

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αρωκίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράντζας Γουδιών που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρεά ή άλλη πληροφορίες
		<i>Arabidopsis thaliana</i> RNA helicase family protein mRNA, complete cds	62%	2,00E-20	74%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	RNA helicase
41	373	<i>Vernicia fordii</i> translationally controlled tumor protein (TCTP) mRNA, complete cds	78%	1,00E-93	86%	<i>Vernicia fordii</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Hevea brasiliensis</i> translationally controlled tumor protein (TCTP) mRNA, complete cds	78%	3,00E-89	85%	<i>Hevea brasiliensis</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Ricinus communis</i> Translationally-controlled tumor protein, putative, mRNA	76%	1,00E-87	86%	<i>Ricinus communis</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Populus trichocarpa</i> translationally controlled tumor-like family protein (POPTR_0008822310g) mRNA, complete cds	76%	4,00E-87	86%	<i>Populus trichocarpa</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> translationally-controlled tumor protein homolog (LOC101311180), mRNA	76%	1,00E-80	84%	<i>Fragaria vesca</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Cicer arretinum</i> translationally-controlled tumor protein homolog (LOC101496634), mRNA	75%	2,00E-78	84%	<i>Cicer arretinum</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Litchi chinensis</i> translationally controlled tumor protein (TCTP) mRNA, complete cds	74%	2,00E-77	83%	<i>Litchi chinensis</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Populus trichocarpa</i> callus protein P23 (POPTR_0005802470g) mRNA, complete cds	77%	2,00E-73	82%	<i>Populus trichocarpa</i>	callus protein
		<i>Vitis vinifera</i> translationally-controlled tumor protein homolog-like, transcript variant 1 (LOC100251175), mRNA	74%	3,00E-70	82%	<i>Vitis vinifera</i>	translationally-controlled tumor protein
43	418	<i>Solanum tuberosum</i> uncharacterized LOC102590809, mRNA	62%	2,00E-22	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	
		<i>M.truncatula</i> DNA sequence from clone MTH2-10C20 on chromosome 3, complete sequence	22%	2,00E-10	77%	<i>Medicago truncatula</i>	chromosome 3
		<i>Cucumis sativus</i> lipoxygenase homology domain-containing protein 1-like (LOC101210609), mRNA	34%	4,00E-05	68%	<i>Cucumis sativus</i>	lipoxygenase
46	360	<i>Solanum tuberosum</i> lysophospholipid acyltransferase 1-like (LOC102586748), mRNA	16%	3,00E-13	91%	<i>Solanum tuberosum</i>	lysophospholipid acyltransferase 1
		<i>Solanum lycopersicum</i> membrane-bound O-acyltransferase domain-containing protein 2-like (LOC101249665), mRNA	16%	3,00E-13	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	membrane-bound O-acyltransferase
		<i>Solanum lycopersicum</i> DNA, chromosome 8, clone: C08SL60010M05, complete sequence	16%	3,00E-13	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 8

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E. value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
47	262	Nicotiana tabacum pathogenesis-related protein PR10 mRNA, complete cds Fragaria vesca subsp. vesca major allergen Pru ar 1-like, mRNA Vitis vinifera pathogenesis-related protein 10.4 (PR10.4), mRNA Solanum tuberosum pathogenesis-related protein STH-2-like (LOC102583253), mRNA Morus bombycis 18 kD winter accumulating protein A mRNA, complete cds Malus domestica genomic sequence for BAC clone MC-20 containing a Mal d 1 gene cluster Prunus dulcis x Prunus persica putative allergen Pru p 1.06C (Pru p 1.06C) gene, Pru p 1.06C-peach allele, complete cds Malus domestica major allergen Mal d 1.03F (Mal d 1.03F) gene, Mal d 1.03F02 allele, complete cds	22%	1,00E-09 2,00E-06 2,00E-06 3,00E-05 3,00E-05 3,00E-04 3,00E-04 3,00E-04	87% 95% 80% 85% 78% 86% 94% 86%	<i>Nicotiana tabacum</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Morus bombycis</i> <i>Malus domestica</i> <i>Prunus dulcis</i> x <i>Prunus persica</i> <i>Malus domestica</i>	pathogenesis-related protein major allergen pathogenesis-related protein pathogenesis-related protein winter accumulating protein A major allergen
48	316	Brassica rapa subsp. pekinensis clone KBrB003A10, complete sequence Vitis vinifera clone SS0AEB9YM14 Muscari botryoides PISTILLATA-like protein (PI-2) mRNA, partial cds Solanum lycopersicum aldehyde oxidase (AO3), mRNA >gb AF258810.1 AF258810 Lycopersicon esculentum aldehyde oxidase (AO3) mRNA, complete cds	28%	2,00E-08 3,00E-05 4,00E-04	88% 85% 89%	<i>Brassica rapa</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Muscari botryoides</i>	aldehyde oxidase
49	257	Vitis vinifera contig VV78X013722.5, whole genome shotgun sequence Populus trichocarpa clone Pop1-37M17, complete sequence	12%	0.047	91%	<i>Vitis vinifera</i>	
51	299	Solanum lycopersicum cv. Heinz 1706, chromosome 5, BAC clone C05HBa0261K11, complete sequence Populus trichocarpa calcium channel 1 family protein (POPTR_0013s13470g) mRNA, complete cds Cicer arietinum two pore calcium channel protein 1-like (LOC101493022), transcript variant X3, mRNA	28% 22% 25% 48%	0.58 0.58 2,00E-14 1,00E-10	73% 76% 85% 79%	<i>Populus trichocarpa</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Cicer arietinum</i>	chromosome 5 calcium channel 1 family protein two pore calcium channel protein 1

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αρωκίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρε ή άλλη πληροφορία
		Glycine max two pore calcium channel protein I-like (LOC100806160), miscRNA	30%	4,00E-10	78%	<i>Glycine max</i>	two pore calcium channel protein I
		Arabidopsis thaliana two pore calcium channel protein I mRNA, complete cds	21%	2,00E-08	83%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	two pore calcium channel protein I
		<i>Vitis vinifera</i> contig VV78X066285.6, whole genome shotgun sequence	40%	2,00E-08	81%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Solanum tuberosum</i> two pore calcium channel protein 1B-like (LOC102594366), mRNA	29%	1,00E-04	73%	<i>Solanum tuberosum</i>	two pore calcium channel protein 1
		<i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 4, complete genome	25%	1,00E-04	84%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 4
53	147	<i>Vitis vinifera</i> , whole genome shotgun sequence, contig VV78X140903.16, clone ENTAV 115	21%	6,00E-04	94%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Vernonia galamensis</i> type I diacylglycerol acyltransferase (DGAT1B) mRNA, complete cds	32%	0.085	79%	<i>Vernonia galamensis</i>	diacylglycerol acyltransferase
		<i>Jatropha curcas</i> Mn superoxide dismutase (MnSOD) mRNA, complete cds	25%	0.30	84%	<i>Jatropha curcas</i>	Mn superoxide dismutase
		<i>Solanum tuberosum</i> clone 099H05 ribosomal protein S14-like mRNA, complete cds	28%	0.30	81%	<i>Solanum tuberosum</i>	ribosomal protein S14
65	594	<i>Olea europaea</i> hypothetical protein mRNA, partial cds	69%	0.0	97%	<i>Olea europaea</i>	
		<i>Cucumis sativus</i> bark storage protein A-like (LOC101208152), mRNA >ref XM_004171215.1  PREDICTED: <i>Cucumis sativus</i> bark storage protein A-like (LOC101208152), mRNA	99%	3,00E-73	71%	<i>Cucumis sativus</i>	bark storage protein A
		<i>Vitis vinifera</i> bark storage protein A-like, mRNA	97%	4,00E-71	71%	<i>Vitis vinifera</i>	bark storage protein A
		<i>Olea europaea</i> partial mRNA for putative bark storage protein (BSP gene), cultivar 18, clone SABS	72%	6,00E-50	71%	<i>Olea europaea</i>	bark storage protein
		Glycine max bark storage protein A-like, mRNA	95%	2,00E-49	69%	<i>Glycine max</i>	bark storage protein A
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> bark storage protein A-like, mRNA	95%	4,00E-46	68%	<i>Fragaria vesca</i>	bark storage protein A
66	688	<i>Solanum tuberosum</i> probable 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic-like (LOC102580619), misc_RNA	32%	3,00E-42	78%	<i>Solanum tuberosum</i>	6-phosphogluconolactonase 4
		<i>Populus trichocarpa</i> glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase family protein mRNA, complete cds	32%	2,00E-32	75%	<i>Populus trichocarpa</i>	lucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase

**Πίνακας 69.** Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E. value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Solanum tuberosum 40S ribosomal protein S16-like (LOC102600569), mRNA	14%	5,00E-26	88%	<i>Solanum tuberosum</i>	40S ribosomal protein S16
		Cicer arietinum 40S ribosomal protein S16-like (LOC101510801), partial mRNA	14%	5,00E-26	87%	<i>Cicer arietinum</i>	40S ribosomal protein S16
		Solanum lycopersicum probable 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic-like (LOC101262229), mRNA	32%	3,00E-23	72%	<i>Solanum lycopersicum</i>	6-phosphogluconolactonase
		Cucumis sativus probable 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic-like (LOC101206872), mRNA	32%	3,00E-23	71%	<i>Cucumis sativus</i>	6-phosphogluconolactonase
67	616	Vitis vinifera alpha-galactosidase (AGA), mRNA >gb EU543561.1  Vitis vinifera seed imbibition protein 1 (SIP1) mRNA, complete cds	99%	4,00E-160	81%	<i>Vitis vinifera</i>	alpha-galactosidase
		Solanum tuberosum probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 2-like (LOC102600756), transcript variant X2, mRNA	99%	2,00E-156	80%	<i>Solanum tuberosum</i>	galactinol-sucrose galactosyltransferase
		Glycine max probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 2-like (LOC100807861), mRNA	99%	3,00E-154	80%	<i>Glycine max</i>	galactinol-sucrose galactosyltransferase
		Ricinus communis hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds, putative, mRNA	99%	2,00E-151	80%	<i>Ricinus communis</i>	hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
		Arabidopsis thaliana putative galactinol-sucrose galactosyltransferase 2 mRNA, complete cds	99%	3,00E-130	77%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	galactinol-sucrose galactosyltransferase
		Persea americana mRNA for putative seed imbibition protein	99%	5,00E-127	77%	<i>Persea americana</i>	seed imbibition protein
		Ricinus communis Stachyose synthase precursor, putative, mRNA	96%	2,00E-80	71%	<i>Ricinus communis</i>	stachyose synthase precursor
		Arabidopsis thaliana raffinose synthase mRNA, complete cds	93%	3,00E-73	71%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	raffinose synthase
71	565	Phaseolus vulgaris clone BE5d1113 L3 Ribosomal protein mRNA, complete cds	9%	3,00E-09	88%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	ribosomal protein
		Arabidopsis thaliana clone asmb1 12646 LTP-like mRNA sequence	10%	3,00E-09	89%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	
		Brassica rapa var. perviridis BrGA2ox2 mRNA for gibberellin 2-oxidase family protein, partial cds	7%	1,00E-07	93%	<i>Brassica rapa</i>	gibberellin 2-oxidase family protein
		Nicotiana tabacum NtVPE-2 mRNA for vacuolar processing enzyme-2 complete cds	9%	1,00E-07	88%	<i>Nicotiana tabacum</i>	vacuolar processing enzyme

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αρωκτίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρέα ή άλλη πληροφορία
		Populus EST from severe drought-stressed leaves	7%	4,00E-07	91%	<i>Populus</i>	severe drought-stressed leaves
73	830	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> uncharacterized LOC101314162 (LOC101314162), mRNA	34%	3,00E-30	71%	<i>Fragaria vesca</i>	
		<i>Medicago truncatula</i> clone mnh2-26b4, complete sequence	35%	3,00E-29	70%	<i>Medicago truncatula</i>	
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0011s12740g) mRNA, complete cds	15%	3,00E-24	81%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> contig VV78X265502.2, whole genome shotgun sequence	15%	3,00E-23	80%	<i>Vitis vinifera contig</i>	
		<i>Solanum lycopersicum</i> wound induced protein (LOC544070), mRNA	32%	2,00E-12	66%	<i>Solanum lycopersicum</i>	wound induced protein
78	610	<i>Nicotiana tabacum</i> mRNA for putative cytosolic cysteine synthase 7 (gas7 gene)	67%	3,00E-135	86%	<i>Nicotiana tabacum</i>	cytosolic cysteine synthase
		<i>Glycine max</i> cysteine synthase (OAS-TL1), mRNA >gb EF43420.1  <i>Glycine max</i> cysteine synthase (OAS-TL1) mRNA, complete cds	68%	2,00E-125	84%	<i>Glycine max</i>	cysteine synthase
		<i>Solanum lycopersicum</i> cysteine synthase-like (LOC101244415), mRNA	67%	1,00E-121	84%	<i>Solanum lycopersicum</i>	cysteine synthase
		<i>Populus trichocarpa</i> O-acetylserine (thiol)lyase family protein (POPTR_0030s00390g) mRNA, complete cds	67%	1,00E-116	83%	<i>Populus trichocarpa</i>	O-acetylserine (thiol)lyase
		<i>Solanum tuberosum</i> PCS-1 mRNA for cytosolic cysteine synthase, complete cds	67%	3,00E-116	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	cytosolic cysteine synthase
		<i>Vitis vinifera</i> cysteine synthase-like (LOC100264196), mRNA	67%	5,00E-114	82%	<i>Vitis vinifera</i>	cysteine synthase
		<i>Prunus persica</i> clone Contig1301 O-acetylserine acetyltransferase (OAS-TL) mRNA, complete cds	67%	3,00E-111	82%	<i>Prunus persica</i>	O-acetylserine acetyltransferase
		<i>Ricinus communis</i> cysteine synthase, putative, mRNA	68%	2,00E-106	81%	<i>Ricinus communis</i>	cysteine synthase
81	510	<i>Solanum tuberosum</i> metacaspase-1-like, mRNA	80%	5,00E-101	80%	<i>Solanum tuberosum</i>	metacaspase-1
		<i>Solanum lycopersicum</i> metacaspase-1-like, mRNA	79%	1,00E-95	80%	<i>Solanum lycopersicum</i>	metacaspase-1

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E. value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0012s11420g) mRNA, complete cds	77%	5,00E-82	78%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> metacaspase-1-like (LOC101314509), mRNA	78%	2,00E-68	78%	<i>Fragaria vesca</i>	metacaspase-1
		<i>Vitis vinifera</i> metacaspase-1-like (LOC100244240), mRNA	80%	3,00E-66	74%	<i>Vitis vinifera</i>	metacaspase-1
		<i>Arabidopsis thaliana</i> metacaspase 1 mRNA, complete cds	81%	4,00E-39	70%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	metacaspase-1
		<i>Solanum lycopersicum</i> chromosome 5 clone C05SLm0093K24, complete sequence	40%	2,00E-22	81%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 5
88	742	<i>Solanum tuberosum</i> probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 46-like (LOC102606045), mRNA	50%	4,00E-47	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	pectinesterase/pectinesterase inhibitor
		<i>Solanum lycopersicum</i> probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 46-like (LOC101248642), mRNA	50%	2,00E-45	71%	<i>Solanum lycopersicum</i>	pectinesterase/pectinesterase inhibitor
		<i>Solanum lycopersicum</i> chromosome 2 clone C02SLm0020N15, complete sequence	50%	2,00E-45	71%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 2
		<i>Ricinus communis</i> Pectinesterase-3 precursor, putative, mRNA	54%	1,00E-40	70%	<i>Ricinus communis</i>	pectinesterase-3 precursor
		<i>Glycine max</i> putative pectinesterase/pectinesterase inhibitor 24-like (LOC100816529), mRNA	35%	2,00E-26	71%	<i>Glycine max</i>	pectinesterase/pectinesterase inhibitor
89	674	<i>Vitis vinifera</i> probable transcription factor KAN2-like (LOC100250498), mRNA	88%	4,00E-147	79%	<i>Vitis vinifera</i>	transcription factor KAN2
		<i>Populus trichocarpa</i> myb family transcription factor family protein (POPTR_0001s02010g) mRNA, complete cds	95%	3,00E-104	73%	<i>Populus trichocarpa</i>	myb family transcription factor family protein
		<i>Glycine max</i> uncharacterized protein LOC100798081 (LOC100798081), mRNA	85%	4,00E-91	73%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Solanum lycopersicum</i> probable transcription factor KAN2-like (LOC101265660), mRNA	84%	4,00E-90	73%	<i>Solanum lycopersicum</i>	transcription factor KAN2
		<i>Cicer arietinum</i> probable transcription factor KAN2-like (LOC101515506), transcript variant X1, mRNA	79%	1,00E-78	73%	<i>Cicer arietinum</i>	transcription factor KAN2
		<i>Cucumis sativus</i> probable transcription factor KAN2-like (LOC101204405), mRNA	49%	2,00E-62	84%	<i>Cucumis sativus</i>	transcription factor KAN2
		<i>Arabidopsis thaliana</i> probable transcription factor KAN2 mRNA, complete cds	56%	3,00E-61	80%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	transcription factor KAN2



**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αουκίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορία
93	333	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> pyridoxal kinase-like (LOC101304704), mRNA <i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0017s02980g) mRNA, complete cds <i>Medicago truncatula</i> Pyridoxal kinase (MTR_5g079730) mRNA, complete cds <i>Cicer arietinum</i> pyridoxal kinase-like (LOC101490226), transcript variant X3, mRNA	52% 51% 46% 46%	2,00E-33 5,00E-29 3,00E-25 1,00E-24	80% 78% 78% 77%	<i>Fragaria vesca</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Medicago truncatula</i> <i>Cicer arietinum</i>	pyridoxal kinase  pyridoxal kinase pyridoxal kinase
		<i>Arabidopsis thaliana</i> Pyridoxal kinase mRNA, complete cds	46%	1,00E-24	77%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	pyridoxal kinase
		<i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 5, complete sequence	22%	3,00E-12	83%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 5
		<i>Vitis vinifera</i> 40S ribosomal protein S25-4-like (LOC100258834), mRNA	15%	1,00E-10	92%	<i>Vitis vinifera</i>	40S ribosomal protein S25

**Πίνακας 70.** Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία 'Arbequina' με αλληλουχίες καταταξιμμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-EST).

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
1	987	Coffea arabica cDNA clone similar to Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta - Solanum tuberosum (Potato), mRNA sequence Swingle citrumelo nematode-challenged root cDNA library - UCRCP01 Citrus x paradisi x Citrus trifoliata cDNA clone, mRNA sequence Castor bean cDNA library from roots, 1.8 kb Ricinus communis cDNA clone RCRAI90, mRNA sequence Ruby Orange Developing Seed cDNA Library UCRCS09 Citrus sinensis cDNA, mRNA sequence Poplar cDNA library from young opposite xylem Populus tremula x Populus alba cDNA 5', mRNA sequence CabSau Flower Stage 12 (FLOut0012) Vitis vinifera cDNA clone VV1197B03 5, mRNA sequence Parent Washington Navel Orange Callus cDNA Library UCRCS08-1 Citrus sinensis cDNA clone, mRNA sequence Eucalyptus camaldulensis stem Eucalyptus camaldulensis cDNA clone Stem, mRNA sequence	71%	0.0	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	<i>Coffea arabica</i> cDNA similar to pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
4	850	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Haberteia rhodopensis leaf cDNA library Haberteia rhodopensis cDNA 5' similar to laccase, mRNA sequence Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone mRNA sequence Quercus robur cDNA clone mRNA sequence Coffea arabica cDNA clone similar to Laccase-14 precursor - Arabidopsis thaliana (Mouse-ear cross), mRNA sequence	62%	4,00E-147	82%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
			85%	5,00E-107	72%	<i>Haberteia rhodopensis</i>	leaf
			58%	3,00E-104	77%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
			63%	1,00E-95	75%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
			69%	2,00E-86	73%	<i>Quercus robur</i>	
			94%	3,00E-85	70%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Coffea arabica cDNA similar to Laccase-14 precursor

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεως Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		Populus root cDNA library Populus tremula x Populus tremuloides cDNA clone, mRNA sequence	45%	2,00E-69	76%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	root
		Tomato callus, TAMU Solanum lycopersicum cDNA clone similar to laccase, putative, mRNA sequence	43%	3,00E-65	76%	<i>Solanum lycopersicum</i>	callus
		Camellia sinensis drought suppression subtractive hybridization library Camellia sinensis cDNA similar to putative laccase, mRNA sequence	42%	4,00E-64	75%	<i>Camellia sinensis</i>	drought suppression subtractive hybridization library
		<i>Lactuca sativa</i> PI251246 <i>V. dahliae</i> infected leaf <i>Lactuca sativa</i> cDNA similar to laccase family protein/diphenol oxidase family protein, mRNA sequence	34%	4,00E-64	80%	<i>Lactuca sativa</i>	<i>V. dahliae</i> infected leaf
		An expressed sequence tag database for abiotic stressed leaves of <i>Vitis vinifera</i> var. Chardonnay <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone, mRNA sequence	60%	2,00E-54	73%	<i>Vitis vinifera</i>	abiotic stressed leaves
		Populus root cDNA library Populus tremula x Populus tremuloides cDNA 5 prime, mRNA sequence	51%	1,00E-51	72%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	root
		<i>Malus x domestica</i> cDNA 5' similar to ref NP_199621.2  laccase (diphenol oxidase) family [Arabidopsis thaliana] gb AAO22735.1  putative laccase (diphenol oxidase) family protein [Arabidopsis thaliana] gb AAO50685.1  putative laccase (diphenol oxidase) family protein [Arabidopsis thaliana], mRNA seq	40%	1,00E-45	72%	<i>Malus domestica</i>	laccase (diphenol oxidase)
7	1099	<i>Phaseolus acutifolius</i> cDNA, mRNA sequence	97%	0.0	80%	<i>Phaseolus acutifolius</i>	
		Seed of Late Development Stage <i>Coffea canephora</i> cDNA clone, mRNA sequence	70%	0.0	83%	<i>Coffea canephora</i>	seed of late development stage
		<i>Panax ginseng</i> in vitro-cultured adventitious root cDNA library	64%	0.0	83%	<i>Panax ginseng</i>	<i>in vitro</i> cultured adventitious root
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H)	63%	0.0	83%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Fruits Veraison (V <sup>v</sup> S8) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone, mRNA sequence	61%	0.0	82%	<i>Vitis vinifera</i>	fruits

**Πίνακας 70.** Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
10	976	Up-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence full-length enriched <i>Striga hermonthica</i> cDNA library <i>Striga hermonthica</i> cDNA clone, mRNA sequence <i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone, mRNA sequence <i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone, mRNA sequence T. versicolor self root extracts forward SSH library <i>Triphysaria versicolor</i> cDNA, mRNA sequence <i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone, mRNA sequence <i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone, mRNA sequence Developing storage root specific subtracted cDNA library of <i>Rehmannia glutinosa</i> <i>Rehmannia glutinosa</i> cDNA clone, mRNA sequence normalized cDNA library of roots from <i>Petunia x hybrida</i> , Mitchell diploid <i>Petunia x hybrida</i> cDNA clone, mRNA sequence In vitro Root <i>Solanum tuberosum</i> cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence <i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA51YG19CM1, mRNA sequence Full-length enriched <i>Striga hermonthica</i> cDNA library <i>Striga hermonthica</i> cDNA clone SHAA-aa128h05 3', mRNA sequence <i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence Cherry of Early Development Stage <i>Coffea canephora</i> cDNA clone cccwc22w21h16 5', mRNA sequence	27%	2,00E-100	91%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> full-length enriched cDNA library roots, seedlings, fruits, callus roots self root extracts forward SSH library roots developing storage root roots <i>in vitro</i> root leaves and fruits
			36%	1,00E-91	81%	<i>Striga hermonthica</i>	
			36%	2,00E-87	80%	<i>Mimulus guttatus</i>	
			36%	2,00E-87	80%	<i>Mimulus guttatus</i>	
			36%	1,00E-84	80%	<i>Triphysaria versicolor</i>	
16	1234		27%	3,00E-143	94%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
			24%	2,00E-88	85%	<i>Mimulus guttatus</i>	
			23%	3,00E-86	84%	<i>Rehmannia glutinosa</i>	
			21%	5,00E-78	85%	<i>Petunia hybrida</i>	
			21%	5,00E-78	85%	<i>Solanum tuberosum</i>	
17	1183		71%	0.0	95%	<i>Olea europaea</i>	
			42%	0.0	93%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
			29%	2,00E-56	74%	<i>Striga hermonthica</i>	
			28%	2,00E-50	74%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
18	1016		68%	3,00E-156	78%	<i>Coffea canephora</i>	cherry of early development stage

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρικής	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	58%	5,00E-153	81%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Vitis vinifera</i> cv. perlette LibD <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA seq	71%	4,00E-141	76%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Cabernet Sauvignon Flower bloom - CAB2 <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CAB20003_1a_Fa_C09 5', mRNA sequence	71%	4,00E-129	74%	<i>Vitis vinifera</i>	flower
		CabSau Flower Stage 12 (FL0u0012) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VV111F10 5', mRNA sequence	57%	5,00E-127	78%	<i>Vitis vinifera</i>	flower
		CabSau Berry Postveraison Mixed Stages 36-38 (Brix > 15) under water deficit stress <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVL151H04 5', mRNA sequence	29%	4,00E-90	85%	<i>Vitis vinifera</i>	berry under water deficit stress
		<i>Taraxacum kok-saghyz</i> root cDNA library (TKN) <i>Taraxacum kok-saghyz</i> cDNA clone TKN012E08, mRNA sequence	43%	2,00E-76	75%	<i>Taraxacum kok-saghyz</i>	root
		Pineapple root tip cDNA library Ananas comosus cDNA clone JBW100B07 similar to unknown protein, mRNA sequence	35%	3,00E-73	77%	<i>Ananas comosus</i>	root tip
		<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i> cDNA clone WS02418_003 3', mRNA sequence	38%	5,00E-64	75%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i>	
		Poplar SC cDNA library <i>Populus alba</i> x <i>Populus tremula</i> var. glandulosa cDNA clone PO02023C02 5', mRNA sequence	35%	2,00E-62	75%	<i>Populus alba</i> x <i>Populus tremula</i>	
		<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i> cDNA clone GQ0244_L08 5', mRNA sequence	38%	2,00E-62	74%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i>	
		Sweet orange fruit, development stadium (5 of 6) <i>Citrus sinensis</i> cDNA, mRNA sequence	68%	4,00E-59	67%	<i>Citrus sinensis</i>	fruit
		<i>Arabidopsis thaliana</i> Hormone Treated Callus Col-0 <i>Arabidopsis thaliana</i> cDNA clone GSL.TPGH69ZD06 3PRIM, mRNA sequence	51%	1,00E-52	71%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	hormone treated callus
		Non-lignified secondary xylem from mature trees <i>Picea glauca</i> cDNA clone GQ00046_M23 5', mRNA sequence	57%	5,00E-45	67%	<i>Picea glauca</i>	non-lignified secondary xylem
		Cambium / phloem scrapings (Normalized library) <i>Picea glauca</i> cDNA clone GQ02801_H05 3', mRNA sequence	37%	2,00E-43	71%	<i>Picea glauca</i>	cambium / phloem scrapings

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POAB252 5' end, mRNA sequence	78%	4,00E-65	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	abiotic stress
		Aspen root cDNA Library Populus tremuloides cDNA, mRNA sequence	59%	5,00E-51	68%	<i>Populus tremuloides</i>	root
		Potato roots Solanum tuberosum cDNA clone cPRO9K2 5' end, mRNA sequence	60%	2,00E-50	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	roots
		Roots treated with paraquat Pinus taeda cDNA clone RTPQ1_8_B04_A032 5', mRNA sequence	42%	4,00E-21	66%	<i>Pinus taeda</i>	roots treated with paraquat
		Root at 37 C for 24 hr Pinus taeda cDNA clone HEAT1_1_A03_A029 5', mRNA sequence	42%	2,00E-19	66%	<i>Pinus taeda</i>	root at 37 °C for 24 h
		Roots minus micronutrients Pinus taeda cDNA clone RTMNUT1_37_H04_A029 5', mRNA sequence	38%	2,00E-17	66%	<i>Pinus taeda</i>	roots minus micronutrients
		Xylem-wounded-Norm (PBA02) Pinus banksiana cDNA clone PBA0211_H08 5', mRNA sequence	44%	3,00E-16	66%	<i>Pinus banksiana</i>	xylem-wounded
		Shoot tip - Active growth (Normalized) Picea glauca cDNA clone GQ04010_E05 5', mRNA sequence	21%	1,00E-14	69%	<i>Picea glauca</i>	shoot tip - active growth
		Stem Response Resistant Pinus taeda cDNA clone STRR1_60_B05_A033 5', mRNA sequence	36%	1,00E-14	67%	<i>Pinus taeda</i>	stem
25	1129	Solanum tuberosum cDNA clone cSTS26024 5' sequence, mRNA sequence	64%	0.0	81%	<i>Solanum tuberosum</i>	
		Populus trichocarpa x Populus deltoides cDNA clone WS02418_C01 5', mRNA sequence	73%	2,00E-165	76%	<i>Populus trichocarpa x Populus deltoides</i>	
		Aquilegia cDNA library Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens cDNA clone COIOM82, mRNA sequence	74%	4,00E-142	73%	<i>Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens</i>	
		Sweet lime leaf, infected with CILV Citrus limettoides cDNA, mRNA sequence	62%	2,00E-139	76%	<i>Citrus limettoides</i>	leaf infected with CILV
		Malus x domestica cDNA 5' similar to ref NP_190751.2  transmembrane protein G5p (AtG5) -related [Arabidopsis thaliana] pir T51154 probable transmembrane protein G5p [imported]	50%	4,00E-104	75%	<i>Malus domestica</i>	

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
31	226	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Vaccinium corymbosum cDNA, mRNA sequence	77%	3,00E-58	90%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Full-length enriched <i>Striga hermonthica</i> cDNA library <i>Striga hermonthica</i> cDNA clone SHAA-aac50a05 5', mRNA seq Cell culture from <i>Glaucium flavum</i> <i>Glaucium flavum</i> cDNA, mRNA sequence	68%	3,00E-46	87%	<i>Vaccinium corymbosum</i>	full-length enriched cDNA library
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC7487 5', mRNA sequence	79%	5,00E-43	88%	<i>Striga hermonthica</i>	cell culture
		cDNA library 1 <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA 5', mRNA sequence	68%	5,00E-43	83%	<i>Glaucium flavum</i>	roots
		Tobacco suppression subtractive hybridization cDNA library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA clone 2F-11 cDNA 5' similar to ADH-like UDP-glucose dehydrogenase, mRNA sequence	79%	5,00E-43	86%	<i>Nicotiana tabacum</i>	roots
		Tea plant roots cDNA library <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone RT5B02, mRNA sequence	79%	5,00E-43	83%	<i>Nicotiana tabacum</i>	tobacco suppression subtractive hybridization cDNA library
33	309	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence <i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA440YJ07CMI, mRNA sequence	55%	2,00E-41	91%	<i>Camellia sinensis</i>	roots
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA440YJ07CMI, mRNA sequence	100%	7,00E-151	99%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA447YE08CMI, mRNA sequence	96%	4,00E-135	94%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		<i>Antirrhinum majus</i> whole plant <i>Antirrhinum majus</i> cDNA clone 018_4_08_e20, mRNA sequence	77%	3,00E-85	90%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
36	410	<i>Olea europaea</i> flower <i>Olea europaea</i> cDNA clone c1-7-H9, mRNA sequence <i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA447YE08CMI, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	flower
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA447YE08CMI, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		<i>Antirrhinum majus</i> whole plant <i>Antirrhinum majus</i> cDNA clone 018_2_08_d03, mRNA sequence	100%	0.0	98%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
		Tomato root subtractive cDNA library for heat-shock up-regulated genes <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone LEHRU01B11, mRNA sequence	100%	0.0	94%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
						<i>Solanum lycopersicum</i>	root

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Suppression subtractive hybridization library of Phytophthora infestans-challenged leaves Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence	100%	0.0	94%	<i>Solanum lycopersicum</i>	suppression subtractive hybridization of <i>Phytophthora infestans</i> -challenged leaves
		Stolon Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence	100%	0.0	94%	<i>Solanum tuberosum</i>	stolon
		Tender roots cDNA library of tea plant <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone 07102311-CHAG_16_03.M13+_C01.ab1, mRNA sequence	100%	0.0	95%	<i>Camellia sinensis</i>	tender roots
		Potato callus cDNA library, normalized and full-length Solanum tuberosum cDNA clone POCCM39 3' end, mRNA sequence	100%	0.0	94%	<i>Solanum tuberosum</i>	callus
38	259	Up-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	95%	3,00E-123	100%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
		<i>Quercus robur</i> cDNA clone LG0AAA10YC15RM1 similar to Probable pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase mog-1. - <i>Caenorhabditis elegans</i> , mRNA sequence	85%	4,00E-45	79%	<i>Quercus robur</i>	probable pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase
		Castor bean cDNA library from roots, 1.8 kb <i>Ricinus communis</i> cDNA clone RCRD666, mRNA sequence	86%	1,00E-45	79%	<i>Ricinus communis</i>	roots
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	91%	5,00E-44	78%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Fagus sylvatica</i> cDNA clone WZ0AFSCA25YA09NM1, mRNA sequence	85%	2,00E-42	78%	<i>Fagus sylvatica</i>	
		Root tips <i>Malus x domestica</i> cDNA clone ABPB001473, mRNA sequence	86%	2,00E-41	77%	<i>Malus domestica</i>	root tips
		<i>Citrus reshni</i> cDNA clone KN0AAL3BE03, mRNA sequence	95%	4,00E-39	76%	<i>Citrus reshni</i>	
		<i>Glycine max</i> cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID: Gm-c1055-3126 5' similar to TR:O89064 O89064 PUTATIVE RNA HELICASE.; mRNA sequence	89%	2,00E-36	76%	<i>Glycine max</i>	
		Rangpur lime root, greenhouse plant <i>Citrus limonia</i> cDNA, mRNA sequence	84%	3,00E-33	76%	<i>Citrus limonia</i>	root
		<i>Arabidopsis thaliana</i> roots Columbia <i>Arabidopsis thaliana</i> cDNA clone RZL13c12F 3'. mRNA sequence	62%	4,00E-20	74%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	roots



**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
41	373	Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEAAL17YB10CM1, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with Pseudomonas fluorescens PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	80%	5,00E-103	88%	<i>Fraxinus excelsior</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
		Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	80%	7,00E-95	86%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
		Non inoculated root of <i>Casuarina glauca</i> <i>Casuarina glauca</i> cDNA, mRNA sequence	75%	3,00E-93	88%	<i>Casuarina glauca</i>	non inoculated root
		<i>Casuarina glauca</i> Roots <i>Casuarina glauca</i> cDNA, mRNA seq	75%	3,00E-93	88%	<i>Casuarina glauca</i>	roots
		Hevea brasiliensis YLX600 library Hevea brasiliensis cDNA clone Y98E09 5, mRNA sequence	78%	1,00E-90	86%	<i>Hevea brasiliensis</i>	
43	418	Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	98%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
		cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	98%	0.0	98%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	72%	4,00E-149	99%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>
		One-month old Olive (Olea europaea) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	45%	4,00E-86	98%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		Full-length tissue specific <i>Eucornia</i> cDNA library (inner stem including xylem) <i>Eucornia ulmoides</i> cDNA clone RT027_B12.b, mRNA sequence	44%	2,00E-32	77%	<i>Eucornia ulmoides</i>	inner stem including xylem
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC9745 3', mRNA sequence	63%	2,00E-26	71%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Tobacco cultivar SR1 basal cell cDNA library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA, mRNA sequence	33%	2,00E-20	77%	<i>Nicotiana tabacum</i>	basal cell
		<i>Solanum lycopersicum</i> cv. Micro-Tom root <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone LEFL3061N18 5', mRNA sequence	33%	2,00E-13	73%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
46	360	Normalized full-length tobacco cDNA library Nicotiana tabacum cDNA clone TBK02GR0046_3_E10 5', mRNA sequence Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) Mimulus guttatus cDNA clone CBPF12915 5', mRNA sequence Solanum lycopersicum cv Micro-Tom root Solanum lycopersicum cDNA clone LEFL3144B24 5', mRNA sequence Royal Gala 10 DAFB fruit Malus x domestica cDNA clone AAS006934, mRNA sequence	17% 15% 13% 17% 12%	6,00E-13 4,00E-09 1,00E-08 2,00E-06 2,00E-05	89% 88% 92% 81% 89%	<i>Nicotiana tabacum</i> <i>Triphysaria pusilla</i> <i>Mimulus guttatus</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Malus domestica</i>	root tip roots, seedlings, fruits, callus root fruit
47	262	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEA22Y A03CM1, mRNA sequence	98% 96%	5,00E-126 2,00E-73	99% 85%	<i>Olea europaea</i> <i>Fraxinus excelsior</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		Up-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Eucalyptus camaldulensis stem Eucalyptus camaldulensis cDNA clone Stem_001_000234E08, mRNA sequence 'Fleshless' Ugni blanc SSH Library <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone 3385_UB_M9_H11, mRNA sequence	88% 72% 23% 75%	1,00E-44 4,00E-39 3,00E-08 1,00E-116	78% 80% 84% 99%	<i>Olea europaea</i> <i>Olea europaea</i> <i>Eucalyptus camaldulensis</i> <i>Vitis vinifera</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> stem
48	316	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Xylem-wounded-Norm (PBA02) <i>Pinus banksiana</i> cDNA clone PBA0223 D16 3', mRNA sequence Root cDNA library from Walbot Lab <i>Zea mays</i> cDNA, mRNA sequence Walnut root infected with <i>Pratylenchus vulnus</i> <i>Juglans hindsii</i> x <i>Juglans regia</i> cDNA clone uca04c04 5', mRNA sequence	12% 16% 11% 12%	1,00E-08 4,00E-08 2,00E-06 2,00E-05	98% 88% 97% 90%	<i>Olea europaea</i> <i>Pinus banksiana</i> <i>Zea mays</i> <i>Juglans hindsii</i> x <i>Juglans regia</i>	leaves and fruits xylem wounded root root infected with <i>Pratylenchus vulnus</i>

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		Eucalyptus gunnii cDNA, mRNA sequence	14%	3,00E-04	88%	<i>Eucalyptus gunnii</i>	
49	257	Normalized library Euphorbia esula cDNA clone CV03036A2C02.f2 5, mRNA sequence	14%	0.009	88%	<i>Euphorbia esu</i>	
		Glycine max callus grown in dark condition Glycine max cDNA clone CCCC5551 5, mRNA sequence	15%	0.37	85%	<i>Glycine max</i>	callus grown in dark condition
		(Oil Palm Embryogenic Callus) Elaeis guineensis cDNA clone POP-CE000676 5, mRNA sequence	22%	1.3	75%	<i>Elaeis guineensis</i>	embryogenic callus
51	299	Coffea arabica BP1 Coffea arabica cDNA clone CA00-XX-BP1-057-C10-EP, mRNA sequence	69%	1,00E-32	75%	<i>Coffea arabica</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	72%	1,00E-21	71%	<i>Olea europaea</i>	
		<i>Malus x domestica</i> cDNA similar to ref NP_567258.1  two-pore calcium channel (TPC1) [ <i>Arabidopsis thaliana</i> ] gb AAK39554.1 AF360372_1 putative calcium channel [ <i>Arabidopsis thaliana</i> ], mRNA sequence	69%	2,00E-19	72%	<i>Malus domestica</i>	two-pore calcium channel
		<i>Prunus persica</i> cDNA clone S415G17, mRNA sequence	49%	2,00E-18	87%	<i>Prunus persica</i>	
		Full-length enriched poplar cDNA library, mixture of leaf, bud, stem, root <i>Populus nigra</i> cDNA, mRNA sequence	72%	8,00E-17	70%	<i>Populus nigra</i>	leaf, bud, stem, root
		<i>Eucalyptus camaldulensis</i> root <i>Eucalyptus camaldulensis</i> cDNA clone Root_003_000038B01, mRNA sequence	25%	1,00E-15	87%	<i>Eucalyptus camaldulensis</i>	root
		<i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PNI162 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	69%	2,00E-12	69%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
		<i>Phaseolus vulgaris</i> P- root EST library <i>Phaseolus vulgaris</i> cDNA 5', mRNA sequence	27%	2,00E-12	82%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	root
53	147	Foxtail millet reverse subtracted cDNA library in response to dehydration stress <i>Setaria italica</i> cDNA clone CRST0_008085 5', mRNA sequence	39%	2,00E-06	85%	<i>Setaria italica</i>	reverse subtracted cDNA library in response to dehydration stress
		<i>Eucalyptus gunnii</i> cDNA, mRNA sequence	34%	4,00E-04	84%	<i>Eucalyptus gunnii</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> cv. cabernet sauvignon Stem - CAST <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CAST0006_IIR_A08 3', mRNA sequence	26%	0.004	87%	<i>Vitis vinifera</i>	stem
		Glycine max cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID: Gm-cl1008-1554 5', mRNA sequence	34%	0.015	80%	<i>Glycine max</i>	

**Πίνακας 70.** Συνέχεια

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
65	594	Olea europaea cv. Leccino fruitlet Olea europaea cDNA, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive (Olea europaea) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence One-month old Olive (Olea europaea) cv. Koroneiki seedlings library Olea europaea cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	cv. Leccino fruitlet roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> one-month old cv. Koroneiki seedlings leaves and fruits
66	688	One-month old Olive (Olea europaea) cv. Koroneiki seedlings library Olea europaea cDNA, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEAA21YB16CM1, mRNA sequence Normalized full-length tobacco cDNA library Nicotiana tabacum cDNA clone TBK02GR0095_4_D05 5', mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) Mimulus guttatus cDNA clone CBPG1259 5', mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCJC19270 5', mRNA sequence	91%	0.0	98%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		Solanum lycopersicum cv Micro-Tom root Solanum lycopersicum cDNA clone LEFL3126B15 5', mRNA sequence Olea europaea cv. Leccino fruitlet Olea europaea cDNA, mRNA sequence Carica papaya cDNA, mRNA sequence Vitis vinifera cv. perlette LibD Vitis vinifera cDNA, mRNA seq	82%	0.0	92%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
67	616	Gossypium raimondii cDNA clone GR_Eb43D04 3', mRNA seq Poncirus trifoliata bark, infected with <i>Phytophthora parasitica</i> Citrus trifoliata cDNA, mRNA sequence	32%	2,00E-111	100%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
			32%	2,00E-92	94%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
			32%	3,00E-58	83%	<i>Nicotiana tabacum</i>	normalized full-length tobacco cDNA library
			33%	1,00E-43	79%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
			33%	1,00E-43	79%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
			32%	1,00E-43	78%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root
			62%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	cv. Leccino fruitlet
			100%	7,00E-161	81%	<i>Carica papaya</i>	
			99%	8,00E-160	81%	<i>Vitis vinifera</i>	
			98%	4,00E-158	81%	<i>Gossypium raimondii</i>	
			99%	1,00E-157	80%	<i>Citrus trifoliata</i>	bark infected with <i>Phytophthora parasitica</i>

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πηροφορία
		An expressed sequence tag database for abiotic stressed leaves of <i>Vitis vinifera</i> var. Chardonnay <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVB048B12 5, mRNA sequence	98%	1,00E-157	81%	<i>Vitis vinifera</i>	abiotic stressed leaves
		<i>Glycine max</i> cDNA 5, mRNA sequence	99%	3,00E-152	80%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Populus</i> root cDNA library <i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i> cDNA 5 prime, mRNA sequence	96%	7,00E-148	80%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	root
		Root (free) - 3 weeks after planting <i>Gossypium hirsutum</i> cDNA, mRNA sequence	92%	4,00E-145	80%	<i>Gossypium hirsutum</i>	root
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CBPF9166 3', mRNA sequence	83%	2,00E-141	82%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Star Ruby grapefruit hot water-treated flavedo <i>Citrus x paradisi</i> cDNA clone Hw-37_C07 5', mRNA sequence	87%	3,00E-133	80%	<i>Citrus paradisi</i>	hot water-treated flavedo
71	565	LCM-dissected maize shoot apical meristem cDNA <i>Zea mays</i> cDNA, mRNA sequence	9%	1,00E-11	94%	<i>Zea mays</i>	shoot apical meristem
		<i>Triticum aestivum</i> FGAS: Tal14 <i>Triticum aestivum</i> cDNA, mRNA sequence	10%	4,00E-11	89%	<i>Triticum aestivum</i>	
		<i>Brassica napus</i> Etiolated seedlings (pSPORT1) <i>Brassica napus</i> cDNA, mRNA sequence	9%	1,00E-10	89%	<i>Brassica napus</i>	etiolated seedlings
		<i>Glycine max</i> cDNA clone SOYBEAN CLONE ID: Gm-c1036-12168 5', mRNA sequence	10%	1,00E-10	87%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Eucalyptus gunnii</i> cDNA, mRNA sequence	7%	2,00E-09	95%	<i>Eucalyptus gunnii</i>	
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	8%	2,00E-09	92%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Soybean induced by Salicylic Acid <i>Glycine max</i> cDNA 3', mRNA sequence	9%	2,00E-08	88%	<i>Glycine max</i>	salicylic acid
		Cabernet Sauvignon Leaf - CA32EN <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CA32EN0002_HaR_F12 3', mRNA seq	7%	2,00E-08	93%	<i>Vitis vinifera</i>	leaf
		<i>Citrus clementina</i> cDNA clone IC0AAA63AH07, mRNA sequence	9%	3,00E-07	86%	<i>Citrus clementina</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> cv. perlette LibD <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA seq	9%	3,00E-06	86%	<i>Vitis vinifera</i>	

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
73	830	Populus tremula x Populus alba cDNA clone LG0ADN19YE04ZM1, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA25YL13CM1, mRNA sequence Royal Gala 150 DAFB fruit cortex Malus x domestica cDNA clone AAL/A008408, mRNA sequence Oak tissue culture growing 1 hour in hypertonic medium Quercus robur cDNA 5' , 3', mRNA sequence Phloem Malus x domestica cDNA clone ABMA001590, mRNA sequence Mdrtp1004G07.g1 Apple_EST_Mdrtp Malus x domestica x Malus sieversii cDNA similar to ref NP_849355.1  wound-induced protein, putative [Arabidopsis thaliana] dbj BAC42478.1  unknown protein [Arabidopsis thaliana] gb AAO42915.1  At4g10262 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence Braeburn cell culture three days after subculture Malus x domestica cDNA clone ABLC006797, mRNA sequence Quercus petraea cDNA clone WZ0AQPA2YJ14FM1, mRNA sequence full-length enriched poplar cDNA library, mixture of leaf, bud, stem, root Populus nigra cDNA, mRNA sequence Populus trichocarpa x Populus deltoides cDNA clone WS02438_A12 3', mRNA sequence Poplar cDNA library from cambial zone Populus tremula x Populus alba cDNA 5', mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	10% 52% 34% 34% 34%	1,00E-05 3,00E-147 4,00E-32 1,00E-31 3,00E-28	84% 84% 72% 72% 71%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus alba</i> <i>Fraxinus excelsior</i> <i>Malus domestica</i> <i>Quercus robur</i> <i>Malus domestica</i>	  fruit cortex tissue culture growing 1 hour in hypertonic medium phloem  wound-induced protein cell culture three days after subculture  leaf, bud, stem, root   cambial zone leaves and fruits
78	610	Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA40YJ05CM1, mRNA sequence Leaf Suppression Subtractive Hybridization cDNA Library of ivy Hedera helix cDNA clone 10H11, mRNA sequence	80% 78% 68%	0.0 3,00E-172 5,00E-125	93% 89% 84%	<i>Olea europaea</i> <i>Fraxinus excelsior</i> <i>Hedera helix</i>	  leaf Suppression Subtractive Hybridization cDNA library

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεως Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		Arachis hypogaea root Arachis hypogaea cDNA clone AHCR10N18, mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Arachis hypogaea</i>	root
		Glycine max callus grown in dark condition Glycine max cDNA clone CCCC15029 3', mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Glycine max</i>	callus grown in dark condition
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC25324 3', mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Glycine max cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID: Gm-c1014-1264 3' similar to SW:CYSK_CITVU Q43317 CYSTEINE SYNTHASE .; mRNA sequence	68%	3,00E-121	83%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Quercus robur</i> cDNA clone WZ0AQRAR5YL13NML, mRNA sequence	68%	1,00E-120	83%	<i>Quercus robur</i>	
		In vitro Root <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone 60067 3', mRNA sequence	67%	2,00E-117	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	in vitro root
81	510	<i>Nicotiana benthamiana</i> mixed tissue cDNA library, normalized, full-length <i>Nicotiana benthamiana</i> cDNA clone NBMBA491 3' end, mRNA sequence	80%	3,00E-101	80%	<i>Nicotiana benthamiana</i>	mixed tissue
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC12456 3', mRNA sequence	82%	1,00E-74	74%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		<i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVM014E15060 5' similar to emb_CAO62290.1 unnamed protein product [Vitis vinifera]. Expect = 1e-120, mRNA sequence	80%	1,00E-68	75%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Royal Gala partially senescing leaf Malus x domestica cDNA clone AARA004640, mRNA sequence	80%	1,00E-67	75%	<i>Malus domestica</i>	partially senescing leaf
		Tomato callus, TAMU <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone cLECI7D19, mRNA sequence	61%	1,00E-67	79%	<i>Solanum lycopersicum</i>	callus
		Castor bean cDNA library from roots, 1.8 kb <i>Ricinus communis</i> cDNA clone RCRAXX87, mRNA sequence	80%	3,00E-63	74%	<i>Ricinus communis</i>	roots
		Full-length enriched poplar cDNA library, mixture of leaf, bud, stem, root <i>Populus nigra</i> cDNA clone PnFL2-024_E02 3', mRNA sequence	78%	1,00E-54	73%	<i>Populus nigra</i>	leaf, bud, stem, root
88	742	Full-length enriched <i>Striga hermonthica</i> cDNA library <i>Striga hermonthica</i> cDNA clone SHAA-aat68f10 3', mRNA sequence	54%	1,00E-44	70%	<i>Striga hermonthica</i>	full-length enriched cDNA

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Soybean root hair subtracted cDNA library gmrhRww6 Glycine max cDNA, mRNA sequence	35%	4,00E-26	71%	<i>Glycine max</i>	root hair
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCJC22289 3', mRNA sequence	54%	4,00E-25	67%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Royal Gala young shoot Malus x domestica cDNA clone AVBC012549, mRNA sequence	19%	1,00E-12	74%	<i>Malus domestica</i>	young shoot
		'Cara cara' navel orange fruit cDNA library Citrus sinensis cDNA clone 651 5', mRNA sequence	5%	2,00E-10	100%	<i>Citrus sinensis</i>	fruit
		Rice root plasmid cDNA library (14ROOT) Oryza sativa Japonica Group cDNA clone 14ROOT--01-J05, mRNA sequence	7%	1,00E-07	85%	<i>Oryza sativa</i>	root plasmid
		Euonymus alatus seed tissues collected from 8/14 to 9/19/2007 normalized Euonymus alatus cDNA clone CCXA13534 3', mRNA sequence	7%	1,00E-06	85%	<i>Euonymus alatus</i>	seed tissues
		Eucalyptus gunnii cDNA, mRNA sequence	5%	2,00E-05	93%	<i>Eucalyptus gunnii</i>	
		Vitis vinifera cv. cabernet sauvignon Stem - CAST Vitis vinifera cDNA clone CAST0005_IR_H09 3', mRNA sequence	6%	2,00E-04	84%	<i>Vitis vinifera</i>	stem
89	674	Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) Vitis vinifera cDNA clone WIN0515_H09 3', mRNA sequence	88%	1,00E-146	79%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
		Quercus petraea cDNA clone WZ0AQP4H5YG16FM1, mRNA sequence	89%	6,00E-124	76%	<i>Quercus petraea</i>	
		An expressed sequence tag database for abiotic stressed berries of Vitis vinifera var. Chardonnay Vitis vinifera cDNA clone VVC027F03 5, mRNA sequence	64%	5,00E-100	79%	<i>Vitis vinifera</i>	abiotic stressed berries
		Populus trichocarpa cDNA clone WS02535_K02 3', mRNA seq (roots from Solanum tuberosum Shepody fertilized with nitrogen)	80%	2,00E-85	73%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		Solanum tuberosum cDNA clone, mRNA sequence	84%	1,00E-82	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	roots fertilized with nitrogen
		Actinidia hemsleyana roots with nematodes Actinidia hemsleyana cDNA clone KAMAA00331, mRNA sequence	47%	1,00E-76	80%	<i>Actinidia hemsleyana</i>	roots with nematodes
		T. versicolor self root extracts reverse SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence	46%	2,00E-60	77%	<i>Triphysaria versicolor</i>	self root extracts reverse SSH library
		Casuarina glauca Roots Casuarina glauca cDNA, mRNA seq	39%	3,00E-52	77%	<i>Casuarina glauca</i>	roots



**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		Phloem Malus x domestica cDNA clone ABMA006392, mRNA sequence	30%	2,00E-41	79%	<i>Malus domestica</i>	phloem
93	333	Triphysaria pusilla normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	50%	3,00E-41	83%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Alnus glutinosa</i> cDNA, mRNA sequence	46%	1,00E-34	82%	<i>Alnus glutinosa</i>	
		<i>Actinidia chinensis</i> - active meristems <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAWCC00666, mRNA sequence	47%	5,00E-33	81%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		<i>Populus tremula cambium</i> cDNA library <i>Populus tremula</i> cDNA 5 prime, mRNA sequence	51%	2,00E-31	79%	<i>Populus tremula</i>	cambium
		<i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVM001E08028 5' similar to gb_ABE73472.1 putative pyridoxal kinase splice variant 1 [Brassica napus]. Expect = 3e-81, mRNA sequence	51%	2,00E-30	78%	<i>Vitis vinifera</i>	putative pyridoxal kinase splice
		Grape Root Library <i>Vitis vinifera</i> cDNA 5', mRNA sequence	51%	2,00E-30	78%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Malus x domestica</i> cDNA 5' similar to gb AAK94021.1 AF400125_2 pyridoxal kinase-like protein SOS4 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence	44%	4,00E-28	80%	<i>Malus domestica</i>	pyridoxal kinase-like protein SOS4



**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεως Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
		PREDICTED: laccase-14 [Vitis vinifera]	81%	4,00E-109	67%	<i>Vitis vinifera</i>	laccase-14
		hypothetical protein PRUPE_ppa003546mg [Prunus persica]	90%	5,00E-108	66%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-15-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	91%	4,00E-106	66%	<i>Fragaria vesca</i>	laccase-15
		hypothetical protein POPTR_0011s06880g [Populus trichocarpa] >gb ERP55332.1  hypothetical protein POPTR_0011s06880g [Populus trichocarpa]	90%	3,00E-105	64%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-14-like [Solanum lycopersicum]	87%	4,00E-102	62%	<i>Solanum lycopersicum</i>	laccase-14
		hypothetical protein CICLE_v10003795mg, partial [Citrus clementina]	90%	2,00E-94	58%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-14-like [Glycine max]	91%	3,00E-84	57%	<i>Glycine max</i>	laccase-14
7	1099	conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb EHP29047.1	98%	0.0	93%	<i>Ricinus communis</i>	conserved hypothetical protein
		hypothetical protein [Nicotiana tabacum]	98%	0.0	92%	<i>Nicotiana tabacum</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein VITTSV_044152 [Vitis vinifera]	98%	0.0	92%	<i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Vitis vinifera]	98%	0.0	92%	<i>Vitis vinifera</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Solanum lycopersicum]	98%	0.0	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		Ankyrin repeat family protein isoform 2 [Theobroma cacao]	98%	0.0	91%	<i>Theobroma cacao</i>	ankyrin repeat family protein
		predicted protein [Populus trichocarpa]	98%	0.0	89%	<i>Populus trichocarpa</i>	predicted protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa002867mg [Prunus persica]	98%	0.0	89%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	98%	0.0	89%	<i>Fragaria vesca</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		hypothetical protein CICLE_v10019310mg [Citrus clementina] >gb ESR55228.1  hypothetical protein CICLE_v10019310mg [Citrus clementina]	98%	0.0	90%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
10	976	Ankyrin repeat family protein [Arabidopsis thaliana] >ref NP_001031537.1  Ankyrin repeat family protein [Arabidopsis thaliana] >gb AAC23416.1  expressed protein [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein PRUPE_ppa010026mg [Prunus persica] hypothetical protein CICLE_v10032620mg [Citrus clementina] RecName: Full=ATP synthase subunit O, mitochondrial; AltName: Full=Oligomycin sensitivity conferral protein; Short=OSCP; Flags: Precursor >gb AAA33388.1  F-1-ATPase delta subunit precursor (EC 3.6.1.3) [Ipomoea batatas] PREDICTED: ATP synthase subunit O, mitochondrial-like [Solanum lycopersicum] PREDICTED: ATP synthase subunit O, mitochondrial-like [Glycine max] PREDICTED: ATP synthase subunit O, mitochondrial-like [Fragaria vesca subsp. vesca] PREDICTED: glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Glycine max] putative beta-1,3-glucanase [Prunus dulcis] hypothetical protein POPTR_0006s04460g [Populus trichocarpa] >gb EEE92444.2  hypothetical protein POPTR_0006s04460g [Populus trichocarpa] beta-1,3-glucanase [Prunus persica] PREDICTED: glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Vitis vinifera] PREDICTED: adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic-like isoform X5 [Cicer arietinum] adenine phosphoribosyltransferase-like [Solanum tuberosum] PREDICTED: adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic-like [Glycine max]	97%	0.0 4,00E-51 2,00E-49 3,00E-49 2,00E-46 5,00E-45 3,00E-44 1,00E-38 2,00E-38 3,00E-38 5,00E-37 5,00E-36 2,00E-42 3,00E-42 1,00E-40	84% 73% 82% 72% 69% 65% 67% 77% 73% 79% 74% 72% 83% 97% 72%	<i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Prunus persica</i> <i>Citrus clementina</i> <i>Ipomoea batatas</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Glycine max</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Glycine max</i> <i>Prunus dulcis</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Prunus persica</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Cicer arietinum</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Glycine max</i>	ankyrin repeat family protein hypothetical protein hypothetical protein ATP synthase subunit O ATP synthase subunit O ATP synthase subunit O ATP synthase subunit O glucan endo-1,3-beta-glucosidase 1,3-glucanase hypothetical protein 1,3-glucanase glucan endo-1,3-beta-glucosidase adenine phosphoribosyltransferase adenine phosphoribosyltransferase adenine phosphoribosyltransferase

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορίες
		PREDICTED: adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic isoform 1 [Vitis vinifera]	18%	2,00E-40	94%	<i>Vitis vinifera</i>	adenine phosphoribosyltransferase
		hypothetical protein CICLE_v10002024mg [Citrus clementina]	26%	3,00E-40	77%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa010396mg [Prunus persica]	18%	2,00E-39	92%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC101246994 [Solanum lycopersicum]	30%	1,00E-59	73%	<i>Solanum lycopersicum</i>	uncharacterized protein
17	1183	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102589677 [Solanum tuberosum]	32%	2,00E-58	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein
		predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006389461.1	30%	3,00E-57	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein POPTR_0024s00700g [Populus trichocarpa]	30%	4,00E-56	70%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa012688mg [Prunus persica]	30%	4,00E-57	73%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		>gb EMJ03898.1  hypothetical protein PRUPE_ppa012688mg [Prunus persica]	30%	4,00E-56	70%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein CICLE_v10009804mg [Citrus clementina] >gb ESR64330.1  hypothetical protein CICLE_v10009804mg [Citrus clementina]	30%	4,00E-56	69%	<i>Theobroma cacao</i>	uncharacterized protein
		Uncharacterized protein TCM_037923 [Theobroma cacao]	30%	4,00E-56	69%	<i>Theobroma cacao</i>	uncharacterized protein
		conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb EHF47032.1  conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	30%	3,00E-55	70%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100261125 isoform 1 [Vitis vinifera] >ref XP_003633129.1  PREDICTED: uncharacterized protein LOC100261125 isoform 2 [Vitis vinifera]	33%	3,00E-52	64%	<i>Vitis vinifera</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1 [Vitis vinifera] >emb CB139821.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	99%	1,00E-175	76%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
18	1016	PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like [Solanum tuberosum]	99%	3,00E-174	77%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		hypothetical protein PRUPE_ppa003591mg [Prunus persica]	94%	1,00E-137	64%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		hypothetical protein CICLE_v10007802mg [Citrus clementina]	94%	1,00E-136	64%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like [Cicer arietinum]	99%	3,00E-131	62%	<i>Cicer arietinum</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		transcription factor-related family protein [Populus trichocarpa] >gb EEE90962.2  transcription factor-related family protein [Populus trichocarpa]	94%	5,00E-129	62%	<i>Populus trichocarpa</i>	transcription factor-related family protein
		PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like [Glycine max]	94%	1,00E-120	57%	<i>Glycine max</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
21	1020	PREDICTED: acidic mammalian chitinase-like [Solanum tuberosum]	86%	4,00E-144	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	acidic mammalian chitinase
		PREDICTED: acidic mammalian chitinase-like [Vitis vinifera]	86%	2,00E-140	65%	<i>Vitis vinifera</i>	acidic mammalian chitinase
		hypothetical protein POPTR_0018s12000g [Populus trichocarpa] >gb ERP49924.1  hypothetical protein POPTR_0018s12000g [Populus trichocarpa]	86%	2,00E-132	60%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		chitinase, putative [Ricinus communis] >gb EEF38860.1  chitinase, putative [Ricinus communis]	86%	3,00E-131	60%	<i>Ricinus communis</i>	chitinase
		hypothetical protein CICLE_v10010227mg [Citrus clementina]	86%	4,00E-125	59%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: acidic mammalian chitinase-like [Cucumis sativus] >ref XP_004170715.1  PREDICTED: acidic mammalian chitinase-like [Cucumis sativus]	86%	5,00E-124	57%	<i>Cucumis sativus</i>	acidic mammalian chitinase
		hypothetical protein PRUPE_ppa020347mg [Citrus clementina]	86%	1,00E-117	57%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: acidic mammalian chitinase-like [Glycine max]	84%	5,00E-96	51%	<i>Glycine max</i>	acidic mammalian chitinase
		chitinase, class V [Nicotiana tabacum]	85%	1,00E-69	41%	<i>Nicotiana tabacum</i>	chitinase
25	1129	PREDICTED: phosphoinositide phosphatase SAC8-like [Solanum tuberosum]	99%	0.0	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	phosphoinositide phosphatase SAC8
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like isoform 1 [Vitis vinifera]	99%	0.0	80%	<i>Vitis vinifera</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκλυαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Solanum lycopersicum]	99%	0.0	78%	<i>Solanum lycopersicum</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		SAC domain-containing protein 8 isoform 2 [Theobroma cacao]	99%	0.0	77%	<i>Theobroma cacao</i>	SAC domain-containing protein 8
		phosphoinositide phosphatase family protein [Populus trichocarpa] >gb EEF05351.1  phosphoinositide phosphatase family protein [Populus trichocarpa]	99%	0.0	75%	<i>Populus trichocarpa</i>	phosphoinositide phosphatase family protein
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Cucumis sativus]	99%	0.0	75%	<i>Cucumis sativus</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	99%	0.0	72%	<i>Fragaria vesca</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like isoform 1 [Glycine max]	99%	0.0	70%	<i>Glycine max</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
31	226	alcohol dehydrogenase 2 [Vitis vinifera] >gb AA601382.1 AF194174_1 alcohol dehydrogenase 2 [Vitis vinifera]	69%	1,00E-26	92%	<i>Vitis vinifera</i>	alcohol dehydrogenase
		PREDICTED: alcohol dehydrogenase 1 [Vitis vinifera] >emb CB137554.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	69%	2,00E-26	92%	<i>Vitis vinifera</i>	alcohol dehydrogenase
		ADH-like UDP-glucose dehydrogenase [Nicotiana tabacum]	69%	2,00E-26	92%	<i>Nicotiana tabacum</i>	UDP-glucose dehydrogenase
		alcohol-dehydrogenase family protein [Populus trichocarpa] >gb EEE90349.2  alcohol-dehydrogenase family protein	69%	3,00E-26	90%	<i>Populus trichocarpa</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase 2 [Solanum lycopersicum] >sp P28032.2 ADH2_SOLLC RecName: Full=Alcohol dehydrogenase 2	69%	4,00E-26	88%	<i>Solanum lycopersicum</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase [Citrus x paradisi]	69%	3,00E-25	90%	<i>Citrus paradisi</i>	alcohol dehydrogenase
		PREDICTED: alcohol dehydrogenase 1-like [Glycine max]	69%	1,00E-24	88%	<i>Glycine max</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase, partial [Pyrus communis]	69%	2,00E-24	87%	<i>Pyrus communis</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase, partial [Malus rockii]	69%	4,00E-24	85%	<i>Malus rockii</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase [Prunus dulcis x Prunus persica]	66%	4,00E-24	90%	<i>Prunus dulcis</i> x <i>Prunus persica</i>	alcohol dehydrogenase

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
49	257	Eucalyptus gunnii cDNA, mRNA sequence Normalized library Euphorbia esula cDNA clone CV03036A2C02.F2 5, mRNA sequence Glycine max callus grown in dark condition Glycine max cDNA clone CCCC5551 5', mRNA sequence (Oil Palm Embryogenic Callus) Elaeis guineensis cDNA clone pOP-CEO00676 5', mRNA sequence Coffea arabica BP1 Coffea arabica cDNA clone CA00-XX-BP1-057-C10-EP, mRNA sequence	14% 14% 15% 22% 69%	3,00E-04 0.009 0.37 1.3 1,00E-32	88% 88% 85% 75% 75%	<i>Eucalyptus gunnii</i> <i>Euphorbia esu</i> <i>Glycine max</i> <i>Elaeis guineensis</i> <i>Coffea arabica</i>	  callus grown in dark condition embryogenic callus
51	299	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Malus x domestica cDNA similar to ref[NP_567258.1] two-pore calcium channel (TPC1) [Arabidopsis thaliana] gb A:AK39554.1 AF360372.1 putative calcium channel [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence <i>Prunus persica</i> cDNA clone S415G17, mRNA sequence	72% 69% 49%	1,00E-21 2,00E-19 2,00E-18	71% 72% 87%	<i>Olea europaea</i> <i>Malus domestica</i> <i>Prunus persica</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings two-pore calcium channel
53	147	Full-length enriched poplar cDNA library, mixture of leaf, bud, stem, root <i>Populus nigra</i> cDNA, mRNA sequence <i>Eucalyptus camaldulensis</i> root <i>Eucalyptus camaldulensis</i> cDNA clone Root_003_000038B01, mRNA sequence <i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PNI162 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence <i>Phaseolus vulgaris</i> P- root EST library <i>Phaseolus vulgaris</i> cDNA 5', mRNA sequence Foxtail millet reverse subtracted cDNA library in response to dehydration stress <i>Setaria italica</i> cDNA clone CRST0_008085 5', mRNA sequence <i>Eucalyptus gunnii</i> cDNA, mRNA sequence <i>Vitis vinifera</i> cv. cabernet sauvignon Stem - CAST <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CAST0006_IIR_A08 3', mRNA sequence Glycine max cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID: Gm-c1008-1554 5', mRNA sequence	72% 25% 69% 27% 39% 34% 26% 34%	8,00E-17 1,00E-15 2,00E-12 2,00E-12 2,00E-06 4,00E-04 0.004 0.015	70% 87% 69% 82% 85% 84% 87% 80%	<i>Populus nigra</i> <i>Eucalyptus camaldulensis</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Phaseolus vulgaris</i> <i>Setaria italica</i> <i>Eucalyptus gunnii</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Glycine max</i>	leaf, bud, stem, root root leaves root reverse subtracted cDNA library in response to dehydration stress stem



**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πηροφορία
		An expressed sequence tag database for abiotic stressed leaves of <i>Vitis vinifera</i> var. Chardonnay <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVB048B12 5, mRNA sequence	98%	1,00E-157	81%	<i>Vitis vinifera</i>	abiotic stressed leaves
		<i>Glycine max</i> cDNA 5, mRNA sequence	99%	3,00E-152	80%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Populus</i> root cDNA library <i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i> cDNA 5 prime, mRNA sequence	96%	7,00E-148	80%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	root
		Root (free) - 3 weeks after planting <i>Gossypium hirsutum</i> cDNA, mRNA sequence	92%	4,00E-145	80%	<i>Gossypium hirsutum</i>	root
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CBPF9166 3', mRNA sequence	83%	2,00E-141	82%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Star Ruby grapefruit hot water-treated flavedo <i>Citrus x paradisi</i> cDNA clone Hw-37_C07 5', mRNA sequence	87%	3,00E-133	80%	<i>Citrus paradisi</i>	hot water-treated flavedo
71	565	LCM-dissected maize shoot apical meristem cDNA <i>Zea mays</i> cDNA, mRNA sequence	9%	1,00E-11	94%	<i>Zea mays</i>	shoot apical meristem
		<i>Triticum aestivum</i> FGAS: Tal14 <i>Triticum aestivum</i> cDNA, mRNA sequence	10%	4,00E-11	89%	<i>Triticum aestivum</i>	
		<i>Brassica napus</i> Etiolated seedlings (pSPORT1) <i>Brassica napus</i> cDNA, mRNA sequence	9%	1,00E-10	89%	<i>Brassica napus</i>	etiolated seedlings
		<i>Glycine max</i> cDNA clone SOYBEAN CLONE ID: Gm-c1036-12168 5', mRNA sequence	10%	1,00E-10	87%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Eucalyptus gunnii</i> cDNA, mRNA sequence	7%	2,00E-09	95%	<i>Eucalyptus gunnii</i>	
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	8%	2,00E-09	92%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Soybean induced by Salicylic Acid <i>Glycine max</i> cDNA 3', mRNA sequence	9%	2,00E-08	88%	<i>Glycine max</i>	salicylic acid
		Cabernet Sauvignon Leaf - CA32EN <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CA32EN0002_HaR_F12 3', mRNA seq	7%	2,00E-08	93%	<i>Vitis vinifera</i>	leaf
		<i>Citrus clementina</i> cDNA clone IC0AAA63AH07, mRNA sequence	9%	3,00E-07	86%	<i>Citrus clementina</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> cv. perlette LibD <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA seq	9%	3,00E-06	86%	<i>Vitis vinifera</i>	

**Πίνακας 70.** Συνέχεια

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Arachis hypogaea root Arachis hypogaea cDNA clone AHCR10N18, mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Arachis hypogaea</i>	root
		Glycine max callus grown in dark condition Glycine max cDNA clone CCCC15029 3', mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Glycine max</i>	callus grown in dark condition
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC25324 3', mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Glycine max cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID: Gm-c1014-1264 3' similar to SW:CYSK_CITVU_Q43317 CYSTEINE SYNTHASE ;, mRNA sequence	68%	3,00E-121	83%	<i>Glycine max</i>	
		Quercus robur cDNA clone WZ0AQRAR5YL13NM1, mRNA sequence	68%	1,00E-120	83%	<i>Quercus robur</i>	
		In vitro Root Solanum tuberosum cDNA clone 60067 3', mRNA sequence	67%	2,00E-117	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	in vitro root
81	510	Nicotiana benthamiana mixed tissue cDNA library, normalized, full-length Nicotiana benthamiana cDNA clone NBMB491 3' end, mRNA sequence	80%	3,00E-101	80%	<i>Nicotiana benthamiana</i>	mixed tissue
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC12456 3', mRNA sequence	82%	1,00E-74	74%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Vitis vinifera cDNA clone VVM014E15060 5' similar to emb_CAO62290.1 unnamed protein product [Vitis vinifera]. Expect = 1e-120, mRNA sequence	80%	1,00E-68	75%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Royal Gala partially senescing leaf Malus x domestica cDNA clone AARA004640, mRNA sequence	80%	1,00E-67	75%	<i>Malus domestica</i>	partially senescing leaf
		Tomato callus, TAMU Solanum lycopersicum cDNA clone cLEC17D19, mRNA sequence	61%	1,00E-67	79%	<i>Solanum lycopersicum</i>	callus
		Castor bean cDNA library from roots, 1.8 kb Ricinus communis cDNA clone RCRAX87, mRNA sequence	80%	3,00E-63	74%	<i>Ricinus communis</i>	roots
		Full-length enriched poplar cDNA library, mixture of leaf, bud, stem, root Populus nigra cDNA clone PhFL2-024_E02 3', mRNA sequence	78%	1,00E-54	73%	<i>Populus nigra</i>	leaf, bud, stem, root
88	742	Full-length enriched Striga hermonthica cDNA library Striga hermonthica cDNA clone SHAA-aaif68f10 3', mRNA sequence	54%	1,00E-44	70%	<i>Striga hermonthica</i>	full-length enriched cDNA

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίκιος	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
		Phloem Malus x domestica cDNA clone ABMA006392, mRNA sequence	30%	2,00E-41	79%	<i>Malus domestica</i>	phloem
93	333	Triphysaria pusilla normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	50%	3,00E-41	83%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Alnus glutinosa</i> cDNA, mRNA sequence	46%	1,00E-34	82%	<i>Alnus glutinosa</i>	
		<i>Actinidia chinensis</i> - active meristems <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAWCC00666, mRNA sequence	47%	5,00E-33	81%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		<i>Populus tremula cambium</i> cDNA library <i>Populus tremula</i> cDNA 5 prime, mRNA sequence	51%	2,00E-31	79%	<i>Populus tremula</i>	cambium
		<i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVM001E08028 5' similar to gb_ABE73472.1 putative pyridoxal kinase splice variant 1 [Brassica napus]. Expect = 3e-81, mRNA sequence	51%	2,00E-30	78%	<i>Vitis vinifera</i>	putative pyridoxal kinase splice
		Grape Root Library <i>Vitis vinifera</i> cDNA 5', mRNA sequence	51%	2,00E-30	78%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Malus x domestica</i> cDNA 5' similar to gb AAK94021.1 AF400125_2 pyridoxal kinase-like protein SOS4 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence	44%	4,00E-28	80%	<i>Malus domestica</i>	pyridoxal kinase-like protein SOS4

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογής αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: laccase-14 [Vitis vinifera]	81%	4,00E-109	67%	<i>Vitis vinifera</i>	laccase-14
		hypothetical protein PRUPE_ppa003546mg [Prunus persica]	90%	5,00E-108	66%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-15-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	91%	4,00E-106	66%	<i>Fragaria vesca</i>	laccase-15
		hypothetical protein POPTR_0011s06880g [Populus trichocarpa] >gb ERP55332.1  hypothetical protein POPTR_0011s06880g [Populus trichocarpa]	90%	3,00E-105	64%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-14-like [Solanum lycopersicum]	87%	4,00E-102	62%	<i>Solanum lycopersicum</i>	laccase-14
		hypothetical protein CICLE_v10003795mg, partial [Citrus clementina]	90%	2,00E-94	58%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-14-like [Glycine max]	91%	3,00E-84	57%	<i>Glycine max</i>	laccase-14
7	1099	conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb EEF29047.1	98%	0.0	93%	<i>Ricinus communis</i>	conserved hypothetical protein
		hypothetical protein [Nicotiana tabacum]	98%	0.0	92%	<i>Nicotiana tabacum</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein VITISV_044152 [Vitis vinifera]	98%	0.0	92%	<i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Vitis vinifera]	98%	0.0	92%	<i>Vitis vinifera</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Solanum lycopersicum]	98%	0.0	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		Ankyrin repeat family protein isoform 2 [Theobroma cacao]	98%	0.0	91%	<i>Theobroma cacao</i>	ankyrin repeat family protein
		predicted protein [Populus trichocarpa]	98%	0.0	89%	<i>Populus trichocarpa</i>	predicted protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa002867mg [Prunus persica]	98%	0.0	89%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	98%	0.0	89%	<i>Fragaria vesca</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		hypothetical protein CICLE_v10019310mg [Citrus clementina] >gb ESR55228.1  hypothetical protein CICLE_v10019310mg [Citrus clementina]	98%	0.0	90%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic isoform 1 [Vitis vinifera]	18%	2,00E-40	94%	<i>Vitis vinifera</i>	adenine phosphoribosyltransferase
		hypothetical protein CICLE_v10002024mg [Citrus clementina]	26%	3,00E-40	77%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa010396mg [Prunus persica]	18%	2,00E-39	92%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC101246994 [Solanum lycopersicum]	30%	1,00E-59	73%	<i>Solanum lycopersicum</i>	uncharacterized protein
17	1183	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102589677 [Solanum tuberosum]	32%	2,00E-58	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein
		predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006389461.1	30%	3,00E-57	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein POPTR_0024s00700g [Populus trichocarpa]	30%	4,00E-56	70%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa012688mg [Prunus persica]	30%	4,00E-57	73%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		>gb EMJ03898.1  hypothetical protein PRUPE_ppa012688mg [Prunus persica]	30%	4,00E-56	70%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein CICLE_v10009804mg [Citrus clementina]	30%	4,00E-56	70%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		>gb ESR64330.1  hypothetical protein CICLE_v10009804mg [Citrus clementina]	30%	4,00E-56	69%	<i>Theobroma cacao</i>	uncharacterized protein
		Uncharacterized protein TCM_037923 [Theobroma cacao]	30%	4,00E-56	69%	<i>Theobroma cacao</i>	uncharacterized protein
		conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	30%	3,00E-55	70%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
		>gb EHF47032.1  conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	30%	3,00E-55	70%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100261125 isoform 1 [Vitis vinifera] >ref XP_003633129.1	33%	3,00E-52	64%	<i>Vitis vinifera</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100261125 isoform 2 [Vitis vinifera]	33%	3,00E-52	64%	<i>Vitis vinifera</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1 [Vitis vinifera] >emb CB139821.3	99%	1,00E-175	76%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
18	1016	PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like [Solanum tuberosum]	99%	3,00E-174	77%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		hypothetical protein PRUPE_ppa003591mg [Prunus persica]	94%	1,00E-137	64%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Solanum lycopersicum]	99%	0.0	78%	<i>Solanum lycopersicum</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		SAC domain-containing protein 8 isoform 2 [Theobroma cacao]	99%	0.0	77%	<i>Theobroma cacao</i>	SAC domain-containing protein 8
		phosphoinositide phosphatase family protein [Populus trichocarpa] >gb EEF05351.1  phosphoinositide phosphatase family protein [Populus trichocarpa]	99%	0.0	75%	<i>Populus trichocarpa</i>	phosphoinositide phosphatase family protein
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Cucumis sativus]	99%	0.0	75%	<i>Cucumis sativus</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	99%	0.0	72%	<i>Fragaria vesca</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like isoform 1 [Glycine max]	99%	0.0	70%	<i>Glycine max</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
31	226	alcohol dehydrogenase 2 [Vitis vinifera] >gb AA G01382.1 AF194174_1 alcohol dehydrogenase 2 [Vitis vinifera]	69%	1,00E-26	92%	<i>Vitis vinifera</i>	alcohol dehydrogenase
		PREDICTED: alcohol dehydrogenase 1 [Vitis vinifera] >emb CBI37554.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	69%	2,00E-26	92%	<i>Vitis vinifera</i>	alcohol dehydrogenase
		ADH-like UDP-glucose dehydrogenase [Nicotiana tabacum]	69%	2,00E-26	92%	<i>Nicotiana tabacum</i>	UDP-glucose dehydrogenase
		alcohol-dehydrogenase family protein [Populus trichocarpa] >gb EEE90349.2  alcohol-dehydrogenase family protein	69%	3,00E-26	90%	<i>Populus trichocarpa</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase 2 [Solanum lycopersicum] >sp P28032.2 ADH2_SOLL RecName: Full=Alcohol dehydrogenase 2	69%	4,00E-26	88%	<i>Solanum lycopersicum</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase [Citrus x paradisi]	69%	3,00E-25	90%	<i>Citrus paradisi</i>	alcohol dehydrogenase
		PREDICTED: alcohol dehydrogenase 1-like [Glycine max]	69%	1,00E-24	88%	<i>Glycine max</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase, partial [Pyrus communis]	69%	2,00E-24	87%	<i>Pyrus communis</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase, partial [Malus rockii]	69%	4,00E-24	85%	<i>Malus rockii</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase [Prunus dulcis x Prunus persica]	66%	4,00E-24	90%	<i>Prunus dulcis x Prunus persica</i>	alcohol dehydrogenase

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορίες
33	309	histone H3 [Zea mays] Histone H3.3 [Arabidopsis thaliana] >ref NP_196659.1  histone H3.3 [Arabidopsis thaliana] hypothetical protein VITISV_010022 [Vitis vinifera]	75%	3,00E-49	100%	<i>Zea mays</i>	histone H3
		hypothetical protein VITISV_010022 [Vitis vinifera]	75%	4,00E-49	100%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	histone H3
		histone H3.2 [Medicago sativa]	75%	5,00E-49	100%	<i>Medicago sativa</i>	histone H3
		Histone superfamily protein [Theobroma cacao] >gb ESR38765.1  hypothetical protein CICLE_v10026741mg [Citrus clementina]	75%	1,00E-48	99%	<i>Theobroma cacao</i>	histone H3
36	410	hypothetical protein (mitochondrion) [Vicia faba] ATP synthase subunit alpha [Medicago truncatula]	84%	5,00E-43	71%	<i>Vicia faba</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein M569_00256 [Gentisea aurea]	76%	3,00E-33	84%	<i>Medicago truncatula</i>	ATP synthase subunit alpha
		chloroplast splicing factor CRS1-like protein [Arabidopsis thaliana] >sp Q9LF10.2 CRS1_ARATH RecName: Full=Chloroplastic group IIA intron splicing facilitator CRS1, chloroplastic; AltName: Full=Chloroplastic RNA splicing factor	32%	2,00E-04	38%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chloroplast splicing factor CRS1
		PREDICTED: valine-tRNA ligase-like [Cucumis sativus]	19%	3,00E-04	48%	<i>Cucumis sativus</i>	valine-tRNA ligase
38	259	hypothetical protein POPTR_0010s17940g [Populus trichocarpa] Pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16 isoform 1 [Theobroma cacao]	84%	2,00E-17	77%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like [Vitis vinifera]	84%	2,00E-16	77%	<i>Vitis vinifera</i>	pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase
		ATP-dependent RNA helicase, putative [Ricinus communis]	84%	3,00E-16	79%	<i>Ricinus communis</i>	ATP-dependent RNA helicase
		hypothetical protein PRUPE_ppa000450mg [Prunus persica]	84%	3,00E-16	77%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein CICLE_v100305312mg, partial [Citrus clementina]	84%	2,00E-15	77%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
41	373	PREDICTED: pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like [Solanum tuberosum] translationally controlled tumor protein [Hevea brasiliensis] >gb AFM77714.1  TCTP.1 [Hevea brasiliensis] unnamed protein product [Vitis vinifera] hypothetical protein CICLE_v10006071mg [Citrus clementina] predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006380144.1  translationally controlled tumor-like family protein [Populus trichocarpa] >gb ERP57941.1  translationally controlled tumor-like family protein [Populus trichocarpa] translationally-controlled tumor protein homolog [Solanum lycopersicum] >sp Q6DUX3.1 TCTP_SOLL_C RecName: Full=Translationally-controlled tumor protein homolog; Short=TCCTP translationally-controlled tumor protein homolog [Glycine max] >sp Q944T2.1 TCTP_SOYBN RecName: Full=Translationally-controlled tumor protein homolog; Short=TCCTP predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006382473.1  callus protein P23 [Populus trichocarpa] hypothetical protein PRUPE_ppa009639mg [Prunus persica] PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Cucumis sativus] PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Vitis vinifera] Lipase/lipoxigenase [Theobroma cacao] hypothetical protein POPTR_0003s10630g [Populus trichocarpa] >gb EEE78467.2  hypothetical protein POPTR_0003s10630g [Populus trichocarpa] PREDICTED: uncharacterized protein LOC102590809 [Solanum tuberosum]	84%	2,00E-09	75%	<i>Solanum tuberosum</i>	pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase
			74%	2,00E-39	95%	<i>Hevea brasiliensis</i>	translationally controlled tumor protein
			74%	5,00E-39	94%	<i>Vitis vinifera</i>	unnamed protein product
			74%	2,00E-38	94%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
			74%	2,00E-38	92%	<i>Populus trichocarpa</i>	translationally controlled tumor protein
			74%	3,00E-38	92%	<i>Solanum lycopersicum</i>	translationally controlled tumor protein
			74%	2,00E-37	94%	<i>Glycine max</i>	translationally controlled tumor protein
			74%	3,00E-36	88%	<i>Populus trichocarpa</i>	callus protein
			76%	1,00E-35	89%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
43	418	PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Cucumis sativus] PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Vitis vinifera] Lipase/lipoxigenase [Theobroma cacao] hypothetical protein POPTR_0003s10630g [Populus trichocarpa] >gb EEE78467.2  hypothetical protein POPTR_0003s10630g [Populus trichocarpa] PREDICTED: uncharacterized protein LOC102590809 [Solanum tuberosum]	45%	3,00E-32	78%	<i>Cucumis sativus</i>	lipoxigenase
			61%	4,00E-32	65%	<i>Vitis vinifera</i>	lipoxigenase
			55%	3,00E-31	63%	<i>Theobroma cacao</i>	lipase/lipoxigenase
			53%	4,00E-30	63%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
			61%	1,00E-29	62%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein



**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		hypothetical protein CICLE_v10006444mg [Citrus clementina]	60%	7,00E-26	52%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa011989mg [Prunus persica]	45%	1,00E-20	63%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100818298 [Glycine max]	45%	4,00E-19	59%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		wound/stress protein precursor [Zea mays] >gb ACGG33894.1  wound/stress protein [Zea mays]	45%	4,00E-19	54%	<i>Zea mays</i>	wound/stress protein precursor
		dehydration stress-induced protein [Arabidopsis thaliana]	44%	1,00E-18	58%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	dehydration stress-induced protein
46	360	PREDICTED: lysophospholipid acyltransferase 1-like [Solanum tuberosum]	15%	0.16	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	lysophospholipid acyltransferase
		PREDICTED: membrane-bound O-acyltransferase domain-containing protein 2-like [Solanum lycopersicum]	15%	0.22	83%	<i>Solanum lycopersicum</i>	membrane-bound O-acyltransferase
47	262	hypothetical protein CICLE_v10006102mg [Citrus clementina]	69%	2,00E-11	48%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		pathogenesis-related protein PR10 [Nicotiana tabacum]	69%	3,00E-11	42%	<i>Nicotiana tabacum</i>	pathogenesis-related protein
		hypothetical protein POPTR_0741s00200g, partial [Populus trichocarpa] >gb ERP46551.1  hypothetical protein POPTR_0741s00200g, partial [Populus trichocarpa]	70%	1,00E-10	43%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein VITISV_024511 [Vitis vinifera]	72%	1,00E-10	43%	<i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein
		pathogenesis-related protein 10 [Vitis hybrid cultivar]	69%	2,00E-08	40%	<i>Vitis hybrid cultivar</i>	pathogenesis-related protein
		phenolic oxidative coupling protein [Hypericum humifusum]	50%	3,00E-08	56%	<i>Hypericum humifusum</i>	phenolic oxidative coupling protein
48	316	No significant similarity found					
49	257	No significant similarity found					
		putative calcium channel [Arabidopsis thaliana] >gb AAD15312.1  putative calcium channel [Arabidopsis thaliana]	76%	1,00E-13	53%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	calcium channel protein
51	299	PREDICTED: two pore calcium channel protein 1A-like [Solanum lycopersicum]	74%	1,00E-12	53%	<i>Solanum lycopersicum</i>	calcium channel protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		calcium channel 1 family protein [Populus trichocarpa] >gb ERP54287.1  calcium channel 1 family protein [Populus trichocarpa]	70%	1,00E-12	53%	<i>Populus trichocarpa</i>	calcium channel protein
		hypothetical protein CICLE_v10014388mg [Citrus clementina]	69%	3,00E-11	52%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa001980mg [Prunus persica]	65%	2,00E-08	49%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		Two-pore channel 1 [Theobroma cacao]	67%	5,00E-07	48%	<i>Theobroma cacao</i>	two-pore channel
53	147	two pore channel 1 [Vitis vinifera] >gb ACH53197.1  two pore channel 1 [Vitis vinifera] No significant similarity found	62%	2,00E-05	47%	<i>Vitis vinifera</i>	two-pore channel
65	594	PREDICTED: bark storage protein A-like [Vitis vinifera] predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006381729.1  nucleosidase-related family protein [Populus trichocarpa] PREDICTED: bark storage protein A-like [Cucumis sativus] >ref XP_004171263.1  PREDICTED: bark storage protein A-like [Cucumis sativus]	100%	1,00E-103	73%	<i>Vitis vinifera</i>	bark storage protein
		Phosphorylase superfamily protein [Theobroma cacao]	100%	5,00E-103	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	nucleosidase-related family protein
		putative bark storage protein [Olea europaea]	100%	2,00E-102	69%	<i>Cucumis sativus</i>	bark storage protein
		phosphorylase superfamily protein [Arabidopsis thaliana] >gb AE85565.1  phosphorylase superfamily protein [Arabidopsis thaliana]	100%	2,00E-99	68%	<i>Theobroma cacao</i>	phosphorylase superfamily protein
		PREDICTED: bark storage protein A-like isoform X1 [Solanum tuberosum]	71%	2,00E-98	98%	<i>Olea europaea</i>	bark storage protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa023740mg, partial [Prunus persica]	100%	2,00E-86	63%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	phosphorylase superfamily protein
		PREDICTED: probable 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic-like [Solanum lycopersicum]	100%	3,00E-85	58%	<i>Solanum tuberosum</i>	bark storage protein
66	688	PREDICTED: probable 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	100%	3,00E-83	59%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa008941mg [Prunus persica]	35%	5,00E-26	78%	<i>Solanum lycopersicum</i>	probable 6-phosphogluconolactonase
			34%	1,00E-21	67%	<i>Fragaria vesca</i>	probable 6-phosphogluconolactonase
			34%	5,00E-21	70%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase family protein [Populus trichocarpa]	32%	5,00E-21	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase
		6-phosphoglucanoglucanase-like protein [Arabidopsis thaliana]	32%	1,00E-20	68%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	6-phosphoglucanoglucanase
		NagB/RpiA/CoA transferase-like superfamily protein [Theobroma cacao]	32%	2,00E-20	71%	<i>Theobroma cacao</i>	NagB/RpiA/CoA transferase
		6-phosphoglucanoglucanase, putative [Ricinus communis]	32%	3,00E-19	69%	<i>Ricinus communis</i>	6-phosphoglucanoglucanase
		PREDICTED: probable 6-phosphoglucanoglucanase 4, chloroplastic [Vitis vinifera]	32%	4,00E-19	69%	<i>Vitis vinifera</i>	6-phosphoglucanoglucanase
67	616	hypothetical protein POPTR_0016s05500g [Populus trichocarpa]	99%	1,00E-140	90%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds, putative [Ricinus communis]	99%	2,00E-137	90%	<i>Ricinus communis</i>	hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds
		hypothetical protein CICLE_v10004372mg [Citrus clementina]	99%	3,00E-137	89%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		alkaline alpha galactosidase family protein [Populus trichocarpa]	99%	1,00E-136	90%	<i>Populus trichocarpa</i>	alkaline alpha galactosidase
		putative galactinol-sucrose galactosyltransferase 2 [Arabidopsis thaliana]	99%	4,00E-134	87%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	galactinol-sucrose galactosyltransferase
		hypothetical protein PRUPE_ppa001730mg [Prunus persica]	99%	4,00E-134	88%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: probable galactinol-sucrose galactosyltransferase 2-like [Solanum lycopersicum]	99%	2,00E-133	88%	<i>Solanum lycopersicum</i>	galactinol-sucrose galactosyltransferase
		alpha-galactosidase [Vitis vinifera] >gb ACD39775.1  seed imbibition protein 1 [Vitis vinifera]	99%	2,00E-132	88%	<i>Vitis vinifera</i>	alpha-galactosidase
71	565	hypothetical protein PRUPE_ppa013785mg [Prunus persica]	51%	1,00E-07	44%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein CICLE_v10026829mg [Citrus clementina]	51%	2,00E-06	43%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein VITISV_003190 [Vitis vinifera]	37%	1,00E-05	50%	<i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein POPTR_0005s13930g [Populus trichocarpa]	53%	1,00E-05	38%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC102601977 [Solanum tuberosum]	52%	0,002	41%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
73	830	uncharacterized protein LOC100527721 [Glycine max] > PREDICTED: uncharacterized protein LOC10077261 [Glycine max] hypothetical protein PHAVU_005G087200g [Phaseolus vulgaris] 2-nonaprenyl-3-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase [Theobroma cacao] PREDICTED: uncharacterized protein LOC544070 [Solanum lycopersicum] hypothetical protein POPTR_0019s14030g [Populus trichocarpa] putative wound-induced protein [Prunus dulcis] hypothetical protein PRUPE_ppa014055mg [Prunus persica] PREDICTED: uncharacterized protein LOC100257932 [Vitis vinifera] Wound-responsive family protein [Theobroma cacao]	51% 33% 33% 33% 32% 32% 34% 33% 32%	0.005 3,00E-29 2,00E-27 1,00E-25 1,00E-25 1,00E-24 2,00E-24 2,00E-24 2,00E-23	39% 62% 62% 52% 59% 57% 58% 59% 55%	<i>Glycine max</i> <i>Glycine max</i> <i>Phaseolus vulgaris</i> <i>Theobroma cacao</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Prunus dulcis</i> <i>Prunus persica</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Theobroma cacao</i>	uncharacterized protein uncharacterized protein hypothetical protein 2-nonaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase uncharacterized protein hypothetical protein wound-induced protein hypothetical protein uncharacterized protein
78	610	O-acetylserine(thiol)-lyase [Sesamum indicum] hypothetical protein PRUPE_ppa008606mg [Prunus persica] cysteine synthase [Glycine max] O-acetylserine (thiol)lyase family protein [Populus trichocarpa] cysteine synthase, putative [Ricinus communis] PREDICTED: cysteine synthase-like [Fragaria vesca subsp. vesca] PREDICTED: cysteine synthase-like [Solanum lycopersicum] O-acetylserine (thiol) lyase (OAS-TL) isoform A2 [Arabidopsis thaliana] >dbj BAB01461.1  cysteine synthase	64% 64% 64% 64% 64% 64% 64%	3,00E-68 5,00E-68 2,00E-67 2,00E-66 2,00E-66 2,00E-66	92% 92% 89% 85% 89% 89% 84% 78%	<i>Sesamum indicum</i> <i>Prunus persica</i> <i>Glycine max</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Ricinus communis</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Arabidopsis thaliana</i>	O-acetylserine(thiol)-lyase hypothetical protein cysteine synthase O-acetylserine(thiol)-lyase cysteine synthase cysteine synthase cysteine synthase cysteine synthase O-acetylserine (thiol) lyase O-acetylserine (thiol) lyase



**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100798081 [Glycine max]	88%	5,00E-82	70%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		myb family transcription factor family protein [Populus trichocarpa]	87%	3,00E-77	71%	<i>Populus trichocarpa</i>	myb family transcription factor
		hypothetical protein CICLE_v10001292mg [Citrus clementina]	85%	2,00E-75	73%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: probable transcription factor KAN2-like [Solanum lycopersicum]	84%	2,00E-75	69%	<i>Solanum lycopersicum</i>	transcription factor KAN2
		hypothetical protein PRUPE_ppa006472mg [Prunus persica]	87%	2,00E-63	58%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: probable transcription factor KAN2-like [Cucumis sativus]	84%	1,00E-49	57%	<i>Cucumis sativus</i>	transcription factor KAN2
93	333	hypothetical protein CARUB_v10005125mg [Capsella rubella]	74%	5,00E-26	64%	<i>Capsella rubella</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein POPTR_0017s02980g [Populus trichocarpa]	63%	2,00E-24	76%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: pyridoxal kinase-like isoform X2 [Cicer arietinum]	75%	3,00E-24	62%	<i>Cicer arietinum</i>	pyridoxal kinase
		PREDICTED: pyridoxal kinase-like [Solanum lycopersicum]	52%	3,00E-24	83%	<i>Solanum lycopersicum</i>	pyridoxal kinase
		PREDICTED: pyridoxal kinase-like [Vitis vinifera]	45%	5,00E-24	92%	<i>Vitis vinifera</i>	pyridoxal kinase
		PfKb-like carbohydrate kinase family protein isoform 2 [Theobroma cacao]	46%	5,00E-24	90%	<i>Theobroma cacao</i>	carbohydrate kinase family protein
		hypothetical protein CICLE_v10012086mg [Citrus clementina]	52%	2,00E-22	84%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa008165mg [Prunus persica]	43%	2,00E-22	94%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 72.** Σύγκριση των αλληλολογιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Καλαμών’ με αλληλολογίες καταρθεμμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτιδία (BLAST-n).

Αρ. αρκούκας	Μήκος αλληλονύχτας (bp)	Αλληλονύχτες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλονύχτας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόξα ή άλλη πληροφορίες
98	990	Nicotiana tabacum ribosomal protein L3B (RPL3B) mRNA, complete cds Solanum tuberosum 60S ribosomal protein L3-2-like (LOC102590107), transcript variant X2, mRNA Solanum tuberosum 60S ribosomal protein L3--like (LOC100267716), mRNA Solanum lycopersicum 60S ribosomal protein L3-like (LOC101266871), mRNA Populus trichocarpa 60S ribosomal protein L3 (POPTR_0022s00670g), mRNA, complete cds	70%	0.0	83%	<i>Nicotiana tabacum</i>	ribosomal protein L3B
		Ricinus communis 60S ribosomal protein L3, putative, mRNA	71%	0.0	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	60S ribosomal protein L3-2
		Cucumis sativus 60S ribosomal protein L3-like (LOC101221039), mRNA >ref XM_004161882.1  PREDICTED: Cucumis sativus 60S ribosomal protein L3-like (LOC101221039), mRNA	70%	0.0	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	60S ribosomal protein L3
		Fragaria vesca subsp. vesca 60S ribosomal protein L3-like (LOC101313567), mRNA	71%	0.0	82%	<i>Solanum lycopersicum</i>	60S ribosomal protein L3
		Arabidopsis thaliana 60S ribosomal protein L3-2 mRNA, complete cds	70%	0.0	81%	<i>Populus trichocarpa</i>	60S ribosomal protein L3
		Vitis vinifera NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase-like (LOC100243586), mRNA	69%	2,00E-171	79%	<i>Ricinus communis</i>	60S ribosomal protein L3
99	1326	Ricinus communis aldo-keto reductase, putative, mRNA Orphanche ramosa NADPH-dependent mannose 6-phosphate reductase (M6PR) mRNA, complete cds Fragaria vesca subsp. vesca NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase-like (LOC101301627), mRNA Arabidopsis thaliana putative mannose-6P reductase mRNA, complete cds	69%	4,00E-151	73%	<i>Cucumis sativus</i>	60S ribosomal protein L3
			71%	3,00E-144	76%	<i>Fragaria vesca</i>	60S ribosomal protein L3
			70%	1,00E-161	78%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L3-2
			66%	1,00E-150	74%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L3-2
			67%	2,00E-136	73%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L3-2
			69%	1,00E-132	71%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L3-2
			62%	2,00E-129	73%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L3-2

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Glycine max NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase-like (LOC100806500), mRNA	66%	2,00E-122	71%	<i>Glycine max</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		Cucumis sativus NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase-like (LOC101214993), mRNA	67%	2,00E-117	71%	<i>Cucumis sativus</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		Malus domestica S6PDH mRNA for NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase, complete cds	57%	5,00E-99	71%	<i>Malus domestica</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		Pyrus communis Pc-S6PDH mRNA for NADP dependent sorbitol-6-phosphate dehydrogenase, partial cds	26%	1,00E-37	71%	<i>Pyrus communis</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		Pyrus communis strain Heinz 1706 chromosome 1 clone hba-128j14 map 1, complete sequence	68%	2,00E-35	76%	<i>Pyrus communis</i>	chromosome 1
100	1097	Olea europaea putative glucosyltransferase mRNA, partial cds	37%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	glucosyltransferase
		Solanum tuberosum anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase 1-like (LOC102585382), mRNA	92%	4,00E-99	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase 1
		Solanum lycopersicum UDP-glycosyltransferase 75C1-like (LOC101250450), mRNA	92%	2,00E-97	68%	<i>Solanum lycopersicum</i>	UDP-glycosyltransferase 75C1
		Vitis vinifera UDP-glycosyltransferase 75D1-like (LOC100258380), mRNA	78%	4,00E-62	68%	<i>Vitis vinifera</i>	UDP-glycosyltransferase 75D1
		Gardenia jasminoides GJUGT14 mRNA for UDP-glucose crocetin glucosyltransferase, complete cds	64%	4,00E-61	68%	<i>Gardenia jasminoides</i>	UDP-glucose crocetin glucosyltransferase
		Populus trichocarpa INDOLE-3-ACETATE BETA-D-GLUCOSYLTRANSFERASE family protein (POPTR_0002s23760g) mRNA, complete cds	53%	2,00E-40	67%	<i>Populus trichocarpa</i>	indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase family protein
		Pyrus communis UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase mRNA, complete cds	54%	2,00E-14	64%	<i>Pyrus communis</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
		Malus domestica UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase mRNA, complete cds	54%	2,00E-14	64%	<i>Malus domestica</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
101	1473	Solanum peruvianum isolate PI 126926 plant 2 pelota mRNA, complete cds	77%	0.0	83%	<i>Solanum peruvianum</i>	pelota



**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορία
		<i>Vitis vinifera</i> protein pelota-like (LOC100256390), mRNA	77%	0.0	79%	<i>Vitis vinifera</i>	pelota
		<i>Populus trichocarpa</i> PELOTA family protein (POPTR_0005s22620g), mRNA, complete cds	77%	0.0	78%	<i>Populus trichocarpa</i>	pelota
		<i>Glycine max</i> protein pelota-like (LOC100793935), mRNA	77%	0.0	78%	<i>Glycine max</i>	pelota
		<i>Ricinus communis</i> pelota, putative, mRNA	75%	0.0	78%	<i>Ricinus communis</i>	pelota
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> protein pelota-like, mRNA	75%	0.0	78%	<i>Fragaria vesca</i>	pelota
		<i>Arabidopsis thaliana</i> putative pelota (PEL1) protein (At4g27650) mRNA, complete cds	77%	0.0	75%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	pelota
103	1183	<i>Solanum tuberosum</i> probable transcriptional regulatory protein At2g25830-like (LOC102592508), transcript variant XI, mRNA	81%	3,00E-159	73%	<i>Solanum tuberosum</i>	transcriptional regulatory protein
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> probable transcriptional regulatory protein At2g25830-like (LOC101302323), mRNA	63%	1,00E-137	75%	<i>Fragaria vesca</i>	transcriptional regulatory protein
		<i>Arabidopsis thaliana</i> YebC-related protein mRNA, complete cds	64%	1,00E-132	74%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	YebC-related protein
		<i>Glycine max</i> UPF0082 protein At2g25830-like, transcript variant 1 (LOC100795367), mRNA	64%	1,00E-131	74%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 2, complete sequence	51%	4,00E-36	75%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 2
107	1288	<i>Chionanthus retusus</i> clone StvCHR_24 microsatellite sequence	8%	2,00E-08	74%	<i>Chionanthus retusus</i>	24 microsatellite
		<i>Olea europaea</i> var. <i>syvestris</i> clone W3 N1A gene, intron 3	8%	5,00E-04	74%	<i>Olea europaea</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> contig VV78X225929_4, whole genome shotgun sequence	4%	5,00E-04	85%	<i>Vitis vinifera</i>	
108	1029	<i>Solanum tuberosum</i> regulator of nonsense transcripts UPF3-like (LOC102586824), mRNA	97%	0.0	75%	<i>Solanum tuberosum</i>	regulator of nonsense transcripts UPF3
		<i>Solanum lycopersicum</i> uncharacterized LOC101264766 (LOC101264766), mRNA	93%	0.0	75%	<i>Solanum lycopersicum</i>	
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0022s00460g) mRNA, complete cds	91%	2,00E-135	71%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		<i>Vitis vinifera</i> regulator of nonsense transcripts 3B-like (LOC100257427), mRNA	26%	2,00E-71	82%	<i>Vitis vinifera</i>	regulator of nonsense transcripts 3B

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		<i>Vitis vinifera</i> regulator of nonsense transcripts UPF3-like (LOC101497081), transcript variant X8, mRNA	32%	2,00E-45	77%	<i>Vitis vinifera</i>	regulator of nonsense transcripts
		<i>Solanum lycopersicum</i> strain Heinz 1706 chromosome 1 clone sle-24o24 map 1, complete sequence	78%	3,00E-43	72%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 1
		<i>Ricinus communis</i> phosphoribosylamine-glycine ligase, mRNA	30%	4,00E-04	63%	<i>Ricinus communis</i>	Phosphoribosylamine-glycine ligase
109	1158	<i>Solanum lycopersicum</i> putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC101251966), mRNA	82%	1,00E-170	74%	<i>Solanum lycopersicum</i>	DNA repair protein RAD23
		<i>Solanum tuberosum</i> ubiquitin receptor RAD23b-like (LOC102593740), mRNA	80%	4,00E-169	74%	<i>Solanum tuberosum</i>	ubiquitin receptor RAD23
		<i>Vitis vinifera</i> putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC100267246), mRNA	67%	1,00E-157	77%	<i>Vitis vinifera</i>	DNA repair protein RAD23
		<i>Cucumis sativus</i> putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC101221403), partial mRNA	81%	1,00E-137	72%	<i>Cucumis sativus</i>	DNA repair protein RAD23
		<i>Glycine max</i> putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC100819019), mRNA	69%	1,00E-131	75%	<i>Glycine max</i>	DNA repair protein RAD23
		<i>Arabidopsis thaliana</i> putative DNA repair protein RAD23 (At1g79650) mRNA, complete cds	59%	1,00E-100	72%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	DNA repair protein RAD23
		<i>Ricinus communis</i> uv excision repair protein rad23, putative, mRNA	45%	1,00E-42	70%	<i>Ricinus communis</i>	uv excision repair protein rad23
110	1071	<i>Solanum lycopersicum</i> tetraspanin-19-like, transcript variant 3 (LOC101262238), mRNA	63%	1,00E-125	75%	<i>Solanum lycopersicum</i>	tetraspanin-19
		<i>Populus trichocarpa</i> GMFP4 family protein (POPTR_0003s08610g) mRNA, complete cds	64%	2,00E-102	73%	<i>Populus trichocarpa</i>	GMFP4 family protein
		<i>Vitis vinifera</i> uncharacterized LOC100245417 (LOC100245417), mRNA	62%	1,00E-99	73%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Cicer arietinum</i> tetraspanin-20-like (LOC101499327), transcript variant X3, mRNA	59%	3,00E-82	71%	<i>Cicer arietinum</i>	tetraspanin-20
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> tetraspanin-18-like (LOC101293885), mRNA	55%	1,00E-67	70%	<i>Fragaria vesca</i>	tetraspanin-18
		<i>Vitis vinifera</i> UDP-glycosyltransferase 79B6-like (LOC100250250), mRNA	29%	2,00E-51	75%	<i>Vitis vinifera</i>	UDP-glycosyltransferase

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεως Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορία
		Arabidopsis thaliana chromosome 1, complete sequence	55%	1,00E-29	71%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 1
		Arabidopsis thaliana UDP-glycosyltransferase 79B5 mRNA, complete cds	26%	1,00E-29	71%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	UDP-glycosyltransferase
118	1120	Vitis vinifera DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like (LOC100251060), mRNA	65%	4,00E-131	74%	<i>Vitis vinifera</i>	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3
		Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0005s00240g) mRNA, complete cds	65%	1,00E-118	73%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		Ricinus communis dead box ATP-dependent RNA helicase, putative, mRNA	38%	2,00E-109	81%	<i>Ricinus communis</i>	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase
		Glycine max DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like (LOC100808574), mRNA	38%	4,00E-93	78%	<i>Glycine max</i>	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3
		Solanum tuberosum DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like (LOC102586405), mRNA	65%	3,00E-89	71%	<i>Solanum tuberosum</i>	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3
		Fragaria vesca subsp. vesca DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like (LOC101309944), mRNA	43%	2,00E-83	77%	<i>Fragaria vesca</i>	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3
		Cucumis sativus DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like (LOC101218035), mRNA	50%	4,00E-74	75%	<i>Cucumis sativus</i>	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3
122	923	Vitis vinifera homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like, transcript variant 1 (LOC100260057), mRNA	99%	0.0	82%	<i>Vitis vinifera</i>	homeobox-leucine zipper protein ATHB-15
		Ricinus communis DNA binding protein, putative, mRNA	99%	0.0	80%	<i>Ricinus communis</i>	DNA binding protein
		Populus trichocarpa homeobox-leucine zipper family protein (POPTR_0003s04860g) mRNA, complete cds	99%	0.0	80%	<i>Populus trichocarpa</i>	homeobox-leucine zipper family protein
		Solanum lycopersicum homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like (LOC101257548), mRNA	99%	0.0	80%	<i>Solanum lycopersicum</i>	homeobox-leucine zipper family protein ATHB-15
		Glycine max homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like (LOC100775524), mRNA	99%	0.0	78%	<i>Glycine max</i>	homeobox-leucine zipper family protein ATHB-15
		Malus domestica putative HB15 HD-ZipIII mRNA, complete cds	100%	0.0	78%	<i>Malus domestica</i>	putative HB15 HD-ZipIII
		Poncirus trifoliata class III HD-Zip protein 8 (ATHB8) mRNA, complete cds	99%	0.0	77%	<i>Poncirus trifoliata</i>	class III HD-Zip protein 8 (ATHB8)
		Eucalyptus tereticornis HD-Zip class III transcription factor (HB2) mRNA, complete cds	99%	0.0	76%	<i>Eucalyptus tereticornis</i>	HD-Zip class III transcription factor (HB2)

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
125	1010	<i>Ipomoea nil</i> mRNA for mitochondrial F1-ATPase gamma subunit, complete cds <i>Ricinus communis</i> ATP synthase F1, gamma subunit, putative, mRNA <i>Solanum lycopersicum</i> ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like (LOC101260525), mRNA <i>Vitis vinifera</i> ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like (LOC100246670), mRNA <i>Populus trichocarpa</i> ATP synthase gamma chain family protein (POPTR_0015s06860g) mRNA, complete cds <i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like (LOC101313020), mRNA <i>Arabidopsis thaliana</i> mRNA for mitochondrial F1-ATPase, gamma subunit, complete cds, clone: RAFL06-12-H10 <i>Solanum lycopersicum</i> chromosome 12 clone LE_HBa-12E19, complete sequence <i>Solanum tuberosum</i> protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1-like (LOC102597810), mRNA	54% 55% 54% 54% 55% 54% 54% 20% 20%	2,00E-147 5,00E-142 3,00E-139 3,00E-139 2,00E-122 1,00E-112 2,00E-76 2,00E-23 1,00E-21	81% 81% 80% 80% 78% 77% 72% 81% 80%	<i>Ipomoea nil</i> <i>Ricinus communis</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Solanum tuberosum</i>	mitochondrial F1-ATPase gamma subunit ATP synthase F1, gamma subunit ATP synthase subunit gamma, mitochondrial ATP synthase subunit gamma, mitochondrial ATP synthase gamma chain family protein ATP synthase subunit gamma, mitochondrial ATP synthase subunit gamma, mitochondrial chromosome 12 protein brassinazole-resistant
126	601	<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0005s12790g) mRNA, complete cds <i>Ricinus communis</i> BRASSINAZOLE-RESISTANT 1 protein, putative, mRNA <i>Vitis vinifera</i> protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1-like (LOC100262472), mRNA <i>Arabidopsis thaliana</i> protein brassinazole-resistant 2 mRNA, complete cds <i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0018s10010g) mRNA, complete cds	14% 12% 12%	5,00E-19 3,00E-16 3,00E-15	87% 88% 86%	<i>Populus trichocarpa</i> <i>Ricinus communis</i> <i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein protein brassinazole-resistant protein brassinazole-resistant
127	1100	<i>Arabidopsis thaliana</i> protein brassinazole-resistant 2 mRNA, complete cds <i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0018s10010g) mRNA, complete cds <i>Vitis vinifera</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC100253661), mRNA <i>Solanum tuberosum</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC102592045), transcript variant XI, mRNA	12% 35% 36%	2,00E-12 3,00E-63 3,00E-56	84% 74% 73%	<i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Vitis vinifera</i>	protein brassinazole-resistant hypothetical protein pentatricopeptide repeat-containing protein pentatricopeptide repeat-containing protein
		<i>Solanum tuberosum</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC102592045), transcript variant XI, mRNA	36%	3,00E-51	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	pentatricopeptide repeat-containing protein

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορία
		Glycine max pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC100791183), mRNA	36%	3,00E-50	72%	<i>Glycine max</i>	pentatricopeptide repeat-containing protein
		<i>Cucumis sativus</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC101207466), mRNA	25%	1,00E-30	71%	<i>Cucumis sativus</i>	pentatricopeptide repeat-containing protein
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At2g29760, chloroplastic-like (LOC101300130), mRNA	19%	1,00E-17	72%	<i>Fragaria vesca</i>	pentatricopeptide repeat-containing protein
129	384	<i>Nicotiana tabacum</i> mitochondrial DNA, complete genome	100%	0.0	99%	<i>Nicotiana tabacum</i>	mitochondrial DNA
		<i>Cinnamodendron ekmanii</i> large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial	100%	0.0	99%	<i>Cinnamodendron ekmanii</i>	ribosomal RNA
		<i>Vitis vinifera</i> complete mitochondrial genome, cultivar Pinot noir clone ENTA V115	100%	0.0	99%	<i>Vitis vinifera</i>	complete mitochondrial genome
		<i>Glycine max</i> mitochondrion, complete genome	100%	0.0	99%	<i>Glycine max</i>	mitochondrion
130	394	<i>Glycine max</i> uncharacterized protein LOC100790769, mRNA	16%	3,00E-07	81%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> uncharacterized LOC101296840 (LOC101296840), mRNA	15%	1,00E-05	78%	<i>Fragaria vesca</i>	
131	307	<i>Plantago major</i> mRNA for histin H3 (hh3a gene)	27%	2,00E-20	88%	<i>Plantago major</i>	histin H3
		<i>Cicer arretinum</i> histone H3.3-like (LOC101507715), mRNA	26%	1,00E-17	86%	<i>Cicer arretinum</i>	histone H3.3
		<i>Populus trichocarpa</i> histone H3-D family protein (POPTR_0005s25700g) mRNA, complete cds	27%	1,00E-17	86%	<i>Populus trichocarpa</i>	histone H3
		<i>Medicago truncatula</i> Histone H3 (MTR_2g082370) mRNA, complete cds	26%	1,00E-16	85%	<i>Medicago truncatula</i>	histone H3
		<i>Glycine max</i> histone H3.2-like (LOC100797506), mRNA	26%	1,00E-16	85%	<i>Glycine max</i>	histone H3.2
		<i>Arabidopsis thaliana</i> Histone H3.3 mRNA, complete cds	26%	2,00E-15	84%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	histone H3.3
		<i>Solanum tuberosum</i> histone H3.2-like (LOC102581855), transcript variant X1, mRNA	26%	5,00E-15	84%	<i>Solanum tuberosum</i>	histone H3.2
		<i>Solanum lycopersicum</i> histone H3.3-like (LOC101262275), mRNA	27%	5,00E-15	83%	<i>Solanum lycopersicum</i>	histone H3.3
132	949	<i>Nicotiana tabacum</i> ribosomal protein L3A (RPL3A) mRNA, complete cds	96%	0.0	86%	<i>Nicotiana tabacum</i>	ribosomal protein L3A

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Solanum lycopersicum ribosomal protein L3 (RPL3), mRNA >gb AY456411.1  Lycopersicon esculentum ribosomal protein L3 (RPL3) mRNA, complete cds	96%	0.0	85%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ribosomal protein L3
		Populus trichocarpa ribosomal protein 1 (POPTR_0002s06680g) mRNA, complete cds	94%	0.0	85%	<i>Populus trichocarpa</i>	ribosomal protein 1
		Ricinus communis 60S ribosomal protein L3, putative, mRNA	91%	0.0	84%	<i>Ricinus communis</i>	60S ribosomal protein L3
		Fragaria vesca subsp. vesca 60S ribosomal protein L3-like (LOC101290972), mRNA	94%	0.0	83%	<i>Fragaria vesca</i>	60S ribosomal protein L3
		Vitis vinifera 60S ribosomal protein L3-like (LOC100260533), mRNA	94%	0.0	83%	<i>Vitis vinifera</i>	60S ribosomal protein L3
		Prunus dulcis clone Pdbes-E64 putative 60S ribosomal protein L3 mRNA, partial cds	88%	0.0	84%	<i>Prunus dulcis</i>	60S ribosomal protein L3
		Arabidopsis thaliana 60S ribosomal protein L3-1 mRNA, complete cds	94%	0.0	82%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L3-1
138	405	Solanum tuberosum inorganic phosphate transporter 1-4-like (LOC102589908), mRNA	95%	2,00E-86	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	inorganic phosphate transporter 1-4
		Lycopersicon esculentum mRNA for phosphate transporter, LePT1	95%	1,00E-81	79%	<i>Lycopersicon esculentum</i>	phosphate transporter
		Nicotiana tabacum inorganic phosphate transporter (PT1) mRNA, complete cds	96%	1,00E-75	76%	<i>Nicotiana tabacum</i>	inorganic phosphate transporter
		Medicago truncatula Inorganic phosphate transporter 1-1 (MTR_1g043220) mRNA, complete cds	83%	5,00E-68	78%	<i>Medicago truncatula</i>	inorganic phosphate transporter 1-1
		Populus trichocarpa inorganic phosphate transporter family protein (POPTR_0001s32590g) mRNA, complete cds	83%	2,00E-65	77%	<i>Populus trichocarpa</i>	inorganic phosphate transporter
		Vitis vinifera probable inorganic phosphate transporter 1-7-like (LOC100257925), mRNA	83%	4,00E-63	76%	<i>Vitis vinifera</i>	inorganic phosphate transporter 1-7
		Glycine max probable inorganic phosphate transporter 1-7-like (LOC100795623), mRNA	76%	4,00E-63	78%	<i>Glycine max</i>	inorganic phosphate transporter 1-7
		Ricinus communis inorganic phosphate transporter, putative, mRNA	82%	1,00E-57	76%	<i>Ricinus communis</i>	inorganic phosphate transporter
139	225	Hevea brasiliensis 40S ribosomal protein S15D (RPS15D) mRNA, complete cds	66%	1,00E-46	89%	<i>Hevea brasiliensis</i>	40S ribosomal protein S15D

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορία
		<i>Vitis vinifera</i> 40S ribosomal protein S15-like, transcript variant 2 (LOC100256302), mRNA	76%	4,00E-46	84%	<i>Vitis vinifera</i>	40S ribosomal protein S15
		<i>Ricinus communis</i> 40S ribosomal protein S15, putative, mRNA	67%	2,00E-45	88%	<i>Ricinus communis</i>	40S ribosomal protein S15
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> 40S ribosomal protein S15-like, transcript variant 2 (LOC101300184), mRNA	67%	5,00E-45	87%	<i>Fragaria vesca</i>	40S ribosomal protein S15
		<i>Populus trichocarpa</i> ribosomal S15 family protein (POPTR_0010s08750g) mRNA, complete cds	67%	3,00E-42	86%	<i>Populus trichocarpa</i>	ribosomal protein S15
		<i>Cicer arietinum</i> 40S ribosomal protein S15-4-like (LOC101511312), mRNA	67%	5,00E-39	84%	<i>Cicer arietinum</i>	40S ribosomal protein S15-4
142	294	<i>Vitis vinifera</i> ethylene-insensitive protein 2-like (LOC100256742), mRNA <i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_00006s12900g) mRNA, complete cds	100%	1,00E-55	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ethylene-insensitive protein
		<i>Ricinus communis</i> ethylene insensitive protein, putative, mRNA	99%	2,00E-51	76%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		<i>Prunus persica</i> ethylene signaling protein (EIN2) mRNA, partial cds	99%	3,00E-50	75%	<i>Ricinus communis</i>	ethylene insensitive protein
		<i>Malus domestica</i> ethylene signaling protein (EIN2) mRNA, partial cds	99%	4,00E-48	75%	<i>Prunus persica</i>	ethylene signaling protein
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> ethylene-insensitive protein 2-like (LOC101310827), mRNA	99%	3,00E-44	74%	<i>Malus domestica</i>	ethylene signaling protein
		<i>Medicago truncatula</i> Ethylene insensitive (MTR_7g101410) mRNA, complete cds	99%	3,00E-43	74%	<i>Fragaria vesca</i>	ethylene-insensitive protein
		<i>Solanum tuberosum</i> ethylene-insensitive protein 2-like (LOC102594025), transcript variant X3, mRNA	99%	1,00E-36	72%	<i>Medicago truncatula</i>	ethylene-insensitive protein
		<i>Solanum tuberosum</i> 60S ribosomal export protein NMMD3-like (LOC102587719), mRNA	99%	3,00E-36	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	ethylene-insensitive protein
143	340	<i>Vitis vinifera</i> contig VV78XI72795.7, whole genome shotgun sequence	46%	1,00E-35	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	60S ribosomal export protein
		<i>Glycine max</i> 60S ribosomal export protein NMMD3-like (LOC100783829), mRNA	47%	2,00E-33	81%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Cucumis sativus</i> 60S ribosomal export protein NMMD3-like (LOC101217835), mRNA	45%	3,00E-32	81%	<i>Glycine max</i>	60S ribosomal export protein
			45%	3,00E-31	80%	<i>Cucumis sativus</i>	60S ribosomal export protein

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
148	359	Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0004s08410g) mRNA, complete cds Fragaria vesca subsp. vesca 60S ribosomal export protein NMD3-like (LOC101293341), mRNA Solanum tuberosum cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl-like (LOC102598408), mRNA Fragaria vesca cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl-like (LOC101769593), mRNA Populus trichocarpa iron hydrogenase family protein (POPTR_0006s01800g) mRNA, complete cds Cucumis sativus cytosolic Fe-S cluster assembly factor NARFL-like (LOC101216310), mRNA	44% 42% 42% 40% 40% 40%	1,00E-30 2,00E-28 3,00E-31 3,00E-26 3,00E-25 2,00E-21	81% 80% 81% 79% 78% 77%	<i>Populus trichocarpa</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Cucumis sativus</i>	hypothetical protein 60S ribosomal export protein cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl iron hydrogenase cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl
151	195	Nicotiana tabacum AER mRNA, complete cds Vaccinium dunalianum anthocyanin 5-aromatic acyltransferase (AT3) mRNA, complete cds Solanum tuberosum BAHF acyltransferase DCR-like (LOC102605267), mRNA Populus trichocarpa transferase family protein (POPTR_0016s11990g) mRNA, complete cds Cucumis sativus BAHF acyltransferase DCR-like (LOC101231447), mRNA	97% 97% 98% 54% 65%	5,00E-19 2,00E-17 3,00E-16 4,00E-14 4,00E-07	71% 73% 70% 77% 70%	<i>Nicotiana tabacum</i> <i>Vaccinium dunalianum</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Cucumis sativus</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase acyltransferase transferase acyltransferase
155	418	Genomic sequence for Arabidopsis thaliana BAC F2119 from chromosome I, complete sequence Glycine max T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC100817323), mRNA Fragaria vesca subsp. vesca T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC101301681), mRNA Vitis vinifera T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC100255682), mRNA Solanum tuberosum T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC102598571), mRNA	48% 48% 46% 47% 50%	2,00E-46 3,00E-45 4,00E-43 4,00E-43 2,00E-42	81% 81% 81% 80% 79%	<i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Glycine max</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Solanum tuberosum</i>	chromosome I T-complex protein 1 subunit epsilon T-complex protein 1 subunit epsilon T-complex protein 1 subunit epsilon T-complex protein 1 subunit epsilon



**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		Populus trichocarpa T-complex protein 1 (POPTR_0008s18260g) mRNA, complete cds	47%	3,00E-38	78%	<i>Populus trichocarpa</i>	T-complex protein 1
		Cucumis sativus T-complex protein I subunit epsilon-like (LOC101205103), mRNA	47%	5,00E-36	78%	<i>Cucumis sativus</i>	T-complex protein I subunit epsilon
162	508	<i>Vitis vinifera</i> 60S ribosomal protein L31-like (LOC100855296), mRNA	62%	4,00E-83	83%	<i>Vitis vinifera</i>	60S ribosomal protein L31
		<i>Medicago truncatula</i> 60S ribosomal protein L31 (MTR_6g091630) mRNA, complete cds	64%	2,00E-79	81%	<i>Medicago truncatula</i>	60S ribosomal protein L31
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0009s06860g) mRNA, complete cds	61%	3,00E-78	82%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> 60S ribosomal protein L31-1-like (LOC101307042), mRNA	60%	1,00E-77	81%	<i>Fragaria vesca</i>	60S ribosomal protein L31-1
		<i>Cucumis sativus</i> 60S ribosomal protein L31-like, transcript variant 2 (LOC101222160), mRNA	61%	1,00E-77	81%	<i>Cucumis sativus</i>	60S ribosomal protein L31
		<i>Ricinus communis</i> 60S ribosomal protein L31, putative, mRNA	61%	1,00E-76	81%	<i>Ricinus communis</i>	60S ribosomal protein L31
		<i>Castanea crenata</i> mRNA, microsatellite: PEAS, complete seq	61%	4,00E-76	81%	<i>Castanea crenata</i>	microsatellite: PEAS
		<i>Populus trichocarpa</i> 60S ribosomal protein L31 (POPTR_0018s06650g) mRNA, complete cds	66%	4,00E-70	78%	<i>Populus trichocarpa</i>	60S ribosomal protein L31
166	694	<i>Vitis vinifera</i> ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant ID-like, transcript variant 4 (LOC100244148), mRNA	38%	3,00E-79	85%	<i>Vitis vinifera</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		<i>Populus trichocarpa</i> ubiquitin-conjugating enzyme family protein (POPTR_0016s07400g) mRNA, complete cds	37%	2,00E-68	83%	<i>Populus trichocarpa</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		<i>Solanum lycopersicum</i> ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant ID-like (LOC101251046), mRNA	38%	4,00E-65	81%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		<i>Citrus sinensis</i> cultivar Pera ubiquitin-conjugating enzyme variant mRNA, complete cds	38%	2,00E-62	80%	<i>Citrus sinensis</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		<i>Glycine max</i> ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant ID-like (LOC100805567), mRNA	38%	5,00E-58	79%	<i>Glycine max</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant ID-like (LOC101312116), mRNA	38%	2,00E-51	78%	<i>Fragaria vesca</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
173	839	<i>Olea europaea</i> calcium-binding protein (PCAI8) mRNA, complete cds	49%	4,00E-66	74%	<i>Olea europaea</i>	calcium-binding protein

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Solanum tuberosum calcium-binding allergen Ole e 8-like (LOC102599328), mRNA	51%	3,00E-37	69%	<i>Solanum tuberosum</i>	calcium-binding allergen
		Solanum lycopersicum calcium-binding allergen Ole e 8-like (LOC101259138), mRNA	51%	3,00E-37	69%	<i>Solanum lycopersicum</i>	calcium-binding allergen
		Vitis vinifera calcium-binding allergen Ole e 8-like (LOC100253496), mRNA	51%	2,00E-19	66%	<i>Vitis vinifera</i>	calcium-binding allergen
		Arabidopsis thaliana putative calcium-binding protein CML26 mRNA, complete cds	21%	4,00E-16	72%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	calcium-binding protein
		Glycine max calcium-binding allergen Ole e 8-like (LOC100815264), mRNA	48%	2,00E-12	65%	<i>Glycine max</i>	calcium-binding allergen
		Cicer arietinum probable calcium-binding protein CML27-like (LOC101489420), mRNA	24%	1,00E-10	68%	<i>Cicer arietinum</i>	calcium-binding protein
		Populus trichocarpa calmodulin-like protein 6a (POPTR_0009s02660g) mRNA, complete cds	8%	3,00E-05	80%	<i>Populus trichocarpa</i>	calmodulin protein
174	740	<i>Vitis vinifera</i> ripening-related protein-like (GRIP68), mRNA >emb AJ237987.1  <i>Vitis vinifera</i> mRNA for putative ripening-related protein (grip68 gene)	8%	0.004	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ripening-related protein
		<i>Pyrus pyrifolia</i> expansin 3 mRNA, complete cds	7%	0.043	79%	<i>Pyrus pyrifolia</i>	expansin 3
		Populus EST from mild drought-stressed leaves	7%	0.043	79%	<i>Populus</i>	mild drought-stressed leaves
		Oncidium Gower Ramsey chalcone synthase (CHS1) gene, complete cds	7%	0.043	79%	<i>Oncidium Gower Ramsey</i>	chalcone synthase
177	690	<i>Solanum tuberosum</i> uncharacterized LOC102599997 (LOC102599997), transcript variant X2, mRNA	40%	1,00E-26	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	transcript variant X2
		<i>Solanum lycopersicum</i> uncharacterized LOC101255844 (LOC101255844), mRNA	46%	3,00E-17	71%	<i>Solanum lycopersicum</i>	
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0021s00760g) mRNA, complete cds	18%	4,00E-08	71%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		Populus EST from mild drought-stressed leaves	18%	2,00E-06	71%	<i>Populus</i>	mild drought-stressed leaves
178	858	<i>Perilla frutescens</i> phenylalanine ammonia-lyase (PAL) mRNA, complete cds	82%	0.0	80%	<i>Perilla frutescens</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Lithospermum erythrorhizon</i> mRNA for phenylalanine ammonia-lyase, complete cds	84%	5,00E-173	79%	<i>Lithospermum erythrorhizon</i>	phenylalanine ammonia-lyase

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Βάσης των Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		<i>P. crispum</i> mRNA for phenylalanine ammonia-lyase 3	82%	2,00E-171	79%	<i>Petroselinum crispum</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Populus trichocarpa</i> phenylalanine ammonia-lyase family protein (POPTR_0016s09230g) mRNA, complete cds	82%	2,00E-159	78%	<i>Populus trichocarpa</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Prunus persica</i> phenylalanine ammonia lyase (PAL) mRNA, complete cds	82%	1,00E-156	78%	<i>Prunus persica</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Vitis vinifera</i> phenylalanin ammonia-lyase (PAL) mRNA, complete cds	82%	1,00E-156	78%	<i>Vitis vinifera</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Morus alba</i> phenylalanine ammonia-lyase (PAL) mRNA, complete cds	82%	1,00E-149	77%	<i>Morus alba</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Nicotiana tabacum</i> phenylalanine ammonia-lyase 4 (pal4) mRNA, complete cds	82%	1,00E-149	77%	<i>Nicotiana tabacum</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Ricinus communis</i> Phenylalanine ammonia-lyase, putative, mRNA	82%	2,00E-141	76%	<i>Ricinus communis</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Citrus limon</i> phenylalanine ammonia-lyase (pal6) mRNA, complete cds	82%	1,00E-137	76%	<i>Citrus limon</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		<i>Quercus suber</i> phenylalanine ammonia-lyase (PAL) mRNA, complete cds	82%	4,00E-136	76%	<i>Quercus suber</i>	phenylalanine ammonia-lyase
180	494	<i>Vitis vinifera</i> transcription factor GTE8-like (LOC100261067), mRNA	19%	2,00E-05	73%	<i>Vitis vinifera</i>	transcription factor GTE8
		<i>Glycine max</i> transcription factor GTE8-like (LOC100780012), mRNA	12%	7,00E-04	78%	<i>Glycine max</i>	transcription factor GTE8
181	541	<i>Solanum tuberosum</i> uncharacterized LOC102598465, mRNA	46%	7,00E-23	71%	<i>Solanum tuberosum</i>	
		<i>Solanum lycopersicum</i> uncharacterized LOC101253674, mRNA	46%	7,00E-23	69%	<i>Solanum lycopersicum</i>	
		<i>Solanum tuberosum</i> formin-1-like (LOC102598054), mRNA	43%	4,00E-07	66%	<i>Solanum tuberosum</i>	formin
		<i>Cicer arietinum</i> uncharacterized LOC101509021, mRNA	47%	6,00E-05	66%	<i>Cicer arietinum</i>	
		<i>Ricinus communis</i> conserved hypothetical protein, mRNA	45%	6,00E-05	67%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
187	491	<i>Verbena hybrida</i> quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase (3MAT1) mRNA, complete cds	32%	8,00E-22	75%	<i>Verbena hybrida</i>	quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Lamium purpureum quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase (3MaT1) mRNA, complete cds	29%	6,00E-11	71%	<i>Lamium purpureum</i>	quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
		Perilla frutescens mRNA for anthocyanin acyltransferase, partial cds	40%	4,00E-06	68%	<i>Perilla frutescens</i>	anthocyanin acyltransferase
		Solanum tuberosum anthocyanin 5-aromatic acyltransferase-like (LOC102603382), mRNA	29%	5,00E-05	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
		Ricinus communis Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, putative, mRNA	12%	7,00E-04	79%	<i>Ricinus communis</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
		Vitis vinifera malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase-like (LOC100256273), mRNA	43%	0.002	67%	<i>Vitis vinifera</i>	malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
189	918	Catharanthus roseus cyc07 mRNA, complete cds	68%	0.0	83%	<i>Catharanthus roseus</i>	
		Striga asiatica isolate St513 S phase protein mRNA, partial cds	62%	0.0	85%	<i>Striga asiatica</i>	phase protein
		Solanum tuberosum clone 135C12 40S ribosomal protein S3a-like protein mRNA, complete cds	67%	1,00E-169	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	ribosomal protein S3a
		Ricinus communis 40S ribosomal protein S3a, putative, mRNA	65%	2,00E-153	80%	<i>Ricinus communis</i>	ribosomal protein S3a
		Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0008s15610g) mRNA, complete cds	65%	1,00E-150	80%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		Medicago truncatula 40S ribosomal protein S3a-like protein (MTR_5g006440) mRNA, complete cds	67%	3,00E-150	79%	<i>Medicago truncatula</i>	40S ribosomal protein S3a
		Glycine max 40S ribosomal protein S3a-like (LOC100805519), mRNA	67%	2,00E-147	79%	<i>Glycine max</i>	40S ribosomal protein S3a
		Vitis vinifera cultivar Riesling cyc07 mRNA, partial cds	67%	1,00E-131	77%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Arabidopsis thaliana 40S ribosomal protein S3a-2 mRNA, complete cds	65%	1,00E-117	76%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	40S ribosomal protein S3a
190	651	Solanum tuberosum RNA-binding protein NOB1-like (LOC102598034), mRNA	80%	2,00E-101	76%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA-binding protein NOB1
		Cucumis sativus RNA-binding protein NOB1-like (LOC101226071), mRNA	62%	5,00E-70	75%	<i>Cucumis sativus</i>	RNA-binding protein NOB1
		Ricinus communis RNA-binding protein nob1, putative, mRNA	77%	3,00E-67	72%	<i>Ricinus communis</i>	RNA-binding protein NOB1

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τάξεως Τονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορία
		Arabidopsis thaliana RNA-binding protein NOB1 mRNA, complete cds	78%	5,00E-51	69%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	RNA-binding protein NOB1
191	570	Gossypium herbaceum clone NBRI_B_232 simple sequence repeat marker, mRNA sequence	27%	4,00E-20	75%	<i>Gossypium herbaceum</i>	
		Gossypium hirsutum NAC domain protein NAC4 (NAC4) gene, complete cds	27%	2,00E-17	74%	<i>Gossypium hirsutum</i>	NAC domain protein
		Vitis vinifera, whole genome shotgun sequence, contig VV78X173129.8, clone ENTAV 115	13%	2,00E-04	78%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Malus hupehensis NAC domain protein (NAC168) mRNA, complete cds	7%	8,00E-04	88%	<i>Malus hupehensis</i>	NAC domain protein
		Malus domestica NAC domain class transcription factor (NAC17) mRNA, complete cds	7%	8,00E-04	88%	<i>Malus domestica</i>	NAC domain class transcription factor
		Ricinus communis NAC domain-containing protein, putative, mRNA	12%	0,003	75%	<i>Ricinus communis</i>	NAC domain-containing protein

**Πίνακας 73.** Σύγκριση των αλληλουχιών που εκφράζονται στην ποικιλία 'Καλαμών' με αλληλουχίες κατατεθειμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτίδια (BLAST-EST).

Αρ. αποκίσας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
98	990	Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA51YC11CM1, mRNA sequence Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWCC01092, mRNA sequence Cab Sauv flower, leaf and root non-normalized (WIN02) Vitis vinifera cDNA clone WIN0210_J05 3', mRNA sequence Populus trichocarpa x Populus nigra cDNA clone WS02033_E02 3', mRNA sequence Quercus petraea cDNA clone WZ0AQPAE2YH03FM1, mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC7491_3', mRNA sequence Dormant kiwifruit buds three days after hydrogen cyanamide treatment Actinidia delictosa cDNA clone KALAA01052, mRNA sequence Poncirus trifoliata Roots with Iron Deficiency - UCRPT02-UCR1 Citrus trifoliata cDNA clone UCRPT02-72B12-C23-6.g, mRNA sequence	52%	0.0	97%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
			65%	0.0	84%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
			66%	0.0	83%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
			70%	0.0	82%	<i>Populus trichocarpa x Populus nigra</i>	
			70%	0.0	81%	<i>Quercus petraea</i>	
			71%	0.0	81%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
			62%	0.0	84%	<i>Actinidia delictosa</i>	dormant buds three days after hydrogen cyanamide treatment
			68%	0.0	81%	<i>Poncirus trifoliata</i>	roots with iron deficiency
99	1326	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA13Y119CM1, mRNA sequence	65%	0.0	95%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
			47%	0.0	92%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
100	1097	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA39Y121CM1, mRNA sequence Tomato callus, TAMU Solanum lycopersicum cDNA clone cLEC11D5 similar to UDP-glucose:anthocyanin 5-O-glucosyltransferase, putative, mRNA sequence Vitis vinifera cDNA clone S2B20163, mRNA sequence	81%	0.0	94%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
			25%	2,00E-89	87%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
			54%	2,00E-76	71%	<i>Solanum lycopersicum</i>	callus
			59%	5,00E-52	69%	<i>Vitis vinifera</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αρθρικής	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) Vitis vinifera cDNA clone WIN053_N14_3, mRNA sequence	28%	4,00E-46	74%	<i>Vitis vinifera</i>	Flower, leaf and root
		In vitro Root Solanum tuberosum cDNA, mRNA sequence	48%	2,00E-44	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	<i>in vitro</i> root
		Solanum lycopersicum cv Micro-Tom root Solanum lycopersicum cDNA clone LEFL3068D15_5, mRNA sequence	46%	4,00E-40	68%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root
		Root suppression subtractive hybridization cDNA library of Nicotiana tabacum Nicotiana tabacum cDNA clone 6C8, mRNA sequence	29%	2,00E-30	70%	<i>Nicotiana tabacum</i>	root suppression subtractive hybridization
		Populus imbibed seed cDNA library Populus tremula cDNA clone S031D05_5, mRNA sequence	44%	2,00E-26	67%	<i>Populus tremula</i>	seed
101	1473	Cherry of Early Development Stage Coffea canephora cDNA clone cccwc22w21e5_5, mRNA sequence	60%	0.0	83%	<i>Coffea canephora</i>	cherry of early development stage
		Nicotiana tabacum cDNA clone KT7C.104O10, mRNA sequence	59%	0.0	83%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
		Cab Sauv pericarp non-normalized (WIN01) Vitis vinifera cDNA clone WIN013_A12_5, mRNA sequence	58%	0.0	79%	<i>Vitis vinifera</i>	pericarp
		Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) Mimulus guttatus cDNA clone CBPG1772_5, mRNA sequence	47%	0.0	83%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWCC01837, mRNA sequence	45%	0.0	84%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		Malus x domestica cDNA clone Mdftr3075c08_5' similar to TR:Q9ZT87_Q9ZT87_PEL.OTA., mRNA sequence	47%	0.0	82%	<i>Malus domestica</i>	
103	1183	Full-length enriched Ophiorthiza pumila cDNA library Ophiorthiza pumila cDNA clone OPN040_P12, mRNA sequence	47%	1,00E-135	79%	<i>Ophiorthiza pumila</i>	
		Cell culture from Argemone mexicana Argemone mexicana cDNA, mRNA sequence	43%	1,00E-129	81%	<i>Argemone mexicana</i>	cell culture
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	59%	5,00E-122	75%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		An expressed sequence tag database for abiotic stressed leaves of Vitis vinifera var. Chardonnay Vitis vinifera cDNA clone VVB209F08_5, mRNA sequence	49%	1,00E-117	77%	<i>Vitis vinifera</i>	abiotic stressed leaves

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Populus trichocarpa x Populus deltoides cDNA clone WS02419_P01 5', mRNA sequence	45%	5,00E-109	77%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i>	
		Normalized cDNA library of roots from <i>Petunia x hybrida</i> , Mitchell diploid (W115) <i>Petunia x hybrida</i> cDNA clone dr001P0014G08_F.ab1 2007-08-10, mRNA sequence	55%	5,00E-103	74%	<i>Petunia hybrida</i>	roots
		<i>Malus x domestica</i> cDNA clone Mdfw2024I20 5' similar to SW:Y15E_ARATH O82314 HYPOTHETICAL 37.8 KDA PROTEIN F17H15.14. ;, mRNA sequence	28%	2,00E-69	78%	<i>Malus domestica</i>	
		Two-month-old roots from clone 'Beaupre' <i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i> cDNA 5', mRNA sequence	28%	1,00E-66	77%	<i>Populus trichocarpa</i>	two-month-old roots
		Root <i>Arachis ipaensis</i> cDNA 5', mRNA sequence	27%	2,00E-64	77%	<i>Arachis ipaensis</i>	root
107	1288	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	26%	2,00E-39	77%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA31YN24CM1, mRNA sequence	8%	2,00E-18	81%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	16%	4,00E-16	70%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		Soybean induced by Salicylic Acid <i>Glycine max</i> cDNA 3', mRNA sequence	2%	0.59	91%	<i>Glycine max</i>	salicylic acid
108	1029	Normalized library <i>Manihot esculenta</i> cDNA clone CV01021B1E06.f1, mRNA sequence	58%	4,00E-129	78%	<i>Manihot esculenta</i>	
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	35%	3,00E-111	85%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	38%	2,00E-95	81%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		<i>Citrus clementina</i> cDNA clone IC0AA22BA04, mRNA seq	38%	5,00E-89	79%	<i>Citrus clementina</i>	
		<i>Actinidia chinensis</i> - active meristems <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAWCC01885, mRNA sequence	38%	1,00E-83	78%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		<i>Populus fremontii</i> x <i>Populus angustifolia</i> cDNA, mRNA seq	26%	1,00E-78	84%	<i>Populus fremontii</i> x <i>Populus angustifolia</i>	



**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη τήληροφορία
109	1158	Potato abiotic stress cDNA library. Solanum tuberosum cDNA clone POADF79 5' end, mRNA sequence Nicotiana tabacum peti havana SRI symmetric two-celled proembryo suppression subtractive cDNA library. Nicotiana tabacum cDNA, mRNA sequence	79%	1,00E-166	75%	<i>Solanum tuberosum</i>	abiotic stress
		Mimulus guttatus library 2 Mimulus guttatus cDNA clone 0089P0130Z_D10 3', mRNA sequence	67%	3,00E-163	77%	<i>Nicotiana tabacum</i>	symmetric two-celled proembryo suppression subtractive cDNA library
		Populus trichocarpa x Populus deltoides cDNA clone WS02427_A02 5', mRNA sequence	51%	5,00E-153	80%	<i>Mimulus guttatus</i>	
		Parent Washington Navel Orange Callus cDNA Library UCRC508-2 Citrus sinensis cDNA clone UCRC508-19A01-B1-1-4.b, mRNA sequence	66%	2,00E-146	75%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i>	
		T. vesicolor root tip enriched SSH library Triphysaria vesicolor cDNA, mRNA sequence	42%	3,00E-124	80%	<i>Citrus sinensis</i>	callus
		Quercus robur cDNA clone WZ0AQRAN2YF03FMI, mRNA sequence	62%	2,00E-120	73%	<i>Triphysaria vesicolor</i>	root tip
		Populus active cambium cDNA library Populus tremula cDNA clone UB18CPE05 3', mRNA sequence	40%	1,00E-117	80%	<i>Quercus robur</i>	
		Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) Mimulus guttatus cDNA clone CBPG4894 5', mRNA sequence	60%	1,00E-117	74%	<i>Populus tremula</i>	active cambium
		Reverse subtractive cDNA library of tomato inoculated with Ralstonia solanacearum Solanum lycopersicum cDNA clone CK-RS-2-G03, mRNA sequence	56%	4,00E-117	75%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Citrus clementina cDNA clone C20005F09, mRNA sequence	41%	4,00E-117	80%	<i>Solanum lycopersicum</i>	inoculated with <i>Ralstonia solanacearum</i>
110	1071	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	36%	3,00E-106	81%	<i>Citrus clementina</i>	
		Olea europaea cv. Leccino fruitlet Olea europaea cDNA, mRNA sequence	66%	0.0	95%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA18YN23CMI, mRNA sequence	64%	1,00E-161	79%	<i>Olea europaea</i>	cv. Leccino fruitlet
			31%	2,00E-145	94%	<i>Fraxinus excelsior</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Type I trichomes <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA, mRNA sequence	63%	2,00E-125	75%	<i>Solanum lycopersicum</i>	type I trichomes
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	61%	3,00E-123	75%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWBB00166, mRNA sequence	54%	3,00E-117	76%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		Tomato shoot/meristem <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone cTOF26G8_5' sequence, mRNA sequence	55%	2,00E-112	75%	<i>Solanum lycopersicum</i>	shoot/meristem
		Tender roots cDNA library of tea plant <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone 07102311-CHAG_25_55.MI3+_G07.ab1, mRNA sequence	63%	1,00E-104	73%	<i>Camellia sinensis</i>	tender roots
		Tomato root during/after fruit set, Cornell University <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone cLEX14C3_5', mRNA sequence	49%	1,00E-104	76%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root during/after fruit set
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC5088_5', mRNA sequence	43%	5,00E-96	77%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
118	1120	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	57%	0.0	93%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA50YJ02CM1, mRNA sequence	48%	0.0	90%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone WIN0528_H21_3', mRNA sequence	62%	5,00E-121	74%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
		Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWCC01081, mRNA sequence	38%	2,00E-102	80%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		<i>Quercus petraea</i> cDNA clone WZ0AQPAI6YF07FM1, mRNA sequence	37%	3,00E-98	80%	<i>Quercus petraea</i>	
		Populus stem seasonal library <i>Populus deltoides</i> cDNA, mRNA sequence	37%	1,00E-97	80%	<i>Populus deltoides</i>	stem
		<i>Quercus robur</i> one year old cuttings <i>Quercus robur</i> cDNA clone WZ0AQRAL2YE07FM1, mRNA sequence	37%	4,00E-97	79%	<i>Quercus robur</i>	one year old cuttings
		Ruby Orange Developing Seed cDNA Library UCRC09 <i>Citrus sinensis</i> cDNA clone UCRC09-6E03-J5-1-4-b, mRNA sequence	44%	4,00E-97	79%	<i>Citrus sinensis</i>	developing seed
122	923	KCl Salt <i>Citrus reshmi</i> cDNA clone KN0AALIDE01, mRNA sequence	85%	0.0	81%	<i>Citrus reshmi</i>	

### Πίνακας 73. Συνέχεια

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πηροφορία
		<i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PNI62 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	76%	0.0	82%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
		<i>Quercus robur</i> cDNA clone LG0A0A10YE24RMI similar to ATB15_ARATH Homeobox-leucine zipper protein ATHB-15. - <i>Arabidopsis thaliana</i> , mRNA sequence	83%	0.0	80%	<i>Quercus robur</i>	homeobox-leucine zipper protein
125	1010	<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA021YD13CMI, mRNA sequence	54%	0.0	89%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC25867_5', mRNA sequence	53%	5,00E-153	83%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		<i>T. versicolor</i> root tip enriched SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence	54%	2,00E-150	82%	<i>Triphysaria versicolor</i>	root tip
		<i>T. versicolor</i> self root extracts reverse SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence	54%	1,00E-148	81%	<i>Triphysaria versicolor</i>	self root extracts
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	54%	1,00E-146	81%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Castor bean cDNA library from roots, 1.8 kb <i>Ricinus communis</i> cDNA clone RCRBH39, mRNA sequence	55%	1,00E-141	81%	<i>Ricinus communis</i>	roots
126	601	Library from leaves trichomes of <i>Salvia fruticosa</i> <i>Salvia fruticosa</i> cDNA clone <i>Salviafruticosa_04_F20_T7_5'</i> , mRNA sequence	24%	4,00E-31	82%	<i>Salvia fruticosa</i>	leaves trichomes
		Potato roots <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone cPRO5022_5' end, mRNA sequence	20%	3,00E-20	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	roots
		<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus nigra</i> cDNA clone W50205_P02_3', mRNA sequence	14%	1,00E-18	87%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus nigra</i>	
		<i>Arachis hypogaea</i> root <i>Arachis hypogaea</i> cDNA clone AHCR19111, mRNA sequence	15%	5,00E-17	84%	<i>Arachis hypogaea</i>	root
		<i>Eucalyptus camaldulensis</i> leaf <i>Eucalyptus camaldulensis</i> cDNA clone Leaf_004_000019B10, mRNA sequence	11%	2,00E-14	88%	<i>Eucalyptus camaldulensis</i>	leaf
127	1100	Diurnal library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA clone nt005201079, mRNA sequence	35%	1,00E-58	74%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
		Transgenic creeping bentgrass subtraction library 2 <i>Agrostis stolonifera</i> cDNA 5', mRNA sequence	35%	1,00E-52	73%	<i>Agrostis stolonifera</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Treated seedlings (EUGR-TS) Eucalyptus grandis cDNA clone GR-TS-001-GO-050-E01 5', mRNA sequence	21%	2,00E-45	79%	<i>Eucalyptus camaldulensis</i>	treated seedlings
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	41%	3,00E-29	67%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Malus x domestica cDNA 3' similar to ref NP_196272.1  pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein [Arabidopsis thaliana] dbj BAB11403.1  selenium-binding protein-like [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence	19%	1,00E-22	73%	<i>Malus domestica</i>	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein
		Citrus clementina cDNA 5', mRNA sequence	38%	3,00E-17	66%	<i>Citrus clementina</i>	
		Populus strain T89 leaves Populus tremula x Populus tremuloides cDNA, mRNA sequence	19%	4,00E-15	70%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	
		Roots, dark Pinus taeda cDNA clone RTDK1_19_A06_A029 5', mRNA sequence	19%	5,00E-14	70%	<i>Pinus taeda</i>	roots
129	384	Olea europaea flower Olea europaea cDNA clone cl-5-D11, mRNA sequence	100%	0.0	100%	<i>Olea europaea</i>	flower
		Sweet potato (Ayamurasaki) developing tuberous root cDNA Ipomoea batatas cDNA clone IT1331 3', mRNA sequence	100%	0.0	100%	<i>Ipomoea batatas</i>	developing tuberous root
		SSH cDNA library of tea callus induced by freezing stress Camellia sinensis cDNA clone L2CD5, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Camellia sinensis</i>	callus induced by freezing stress
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA32YL07CM1, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
130	394	Glycine max cDNA clone GMFL01-33-NI15 3', mRNA sequence	16%	5,00E-08	83%	<i>Glycine max</i>	
		Soybean Seeds Containing Globular-Stage Embryos Glycine max cDNA, mRNA sequence	16%	5,00E-08	83%	<i>Glycine max</i>	seeds containing globular-stage embryos
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	19%	9,00E-05	77%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
131	307	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	96%	9,00E-137	95%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Down-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	65%	2,00E-94	99%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA23YL18CM1, mRNA sequence	87%	4,00E-84	87%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Hevea brasiliensis YLX600 library Hevea brasiliensis cDNA clone Y297H09 5', mRNA sequence	26%	4,00E-21	90%	<i>Hevea brasiliensis</i>	
		Ralstonia solanacearum challenged root cDNA library of peanut (Arachis hypogaea) Arachis hypogaea cDNA clone ocprta0_0067_F05.ab1, mRNA sequence	26%	4,00E-20	89%	<i>Ralstonia solanacearum</i>	root
		Washington Naval Orange Shoot Meristem cDNA Library Citrus sinensis cDNA clone CS_PFa06119, mRNA sequence	26%	2,00E-19	88%	<i>Citrus sinensis</i>	shoot meristem
		Root cDNA library of peanut (Arachis hypogaea) Arachis hypogaea cDNA clone ocprta0_0075_D07.ab1, mRNA sequence	26%	5,00E-19	88%	<i>Arachis hypogaea</i>	root
		Root Arachis ipaensis cDNA 5', mRNA sequence	26%	5,00E-19	88%	<i>Arachis ipaensis</i>	root
		Valencia sweet orange (Citrus sinensis L.Osb) embryonic callus cDNA library Citrus sinensis cDNA clone 31 5', mRNA sequence	26%	2,00E-18	88%	<i>Citrus sinensis</i>	embryonic callus
		Poncirus trifoliata Roots with Iron Deficiency - UCRPT02-UCR1 Citrus trifoliata cDNA clone UCRPT02-70E05-J9-5.g, mRNA sequence	26%	2,00E-18	88%	<i>Citrus trifoliata</i>	roots with iron deficiency
132	949	Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA27YK04CM1, mRNA sequence	69%	0.0	96%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Nicotiana tabacum cDNA clone KG9B.001K11, mRNA sequence	91%	0.0	87%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
		Tomato Seed Library [D] Solanum lycopersicum cDNA clone cTSD-1-K19 5', mRNA sequence	94%	0.0	86%	<i>Solanum lycopersicum</i>	seed
		Potato callus cDNA library, normalized and full-length Solanum tuberosum cDNA clone POC0D739 5' end, mRNA sequence	96%	0.0	85%	<i>Solanum tuberosum</i>	callus
		Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) Mimulus guttatus cDNA clone CBPG5900 5', mRNA sequence	87%	0.0	87%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Citrus clementina cDNA 5', mRNA sequence	91%	0.0	85%	<i>Citrus clementina</i>	
		Populus trichocarpa cDNA clone WS01229_D14 5', mRNA sequence	91%	0.0	85%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC21745 5', mRNA sequence	84%	0.0	87%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Castor bean cDNA library from roots, 1.8 kb Ricinus communis cDNA clone RCRCT19, mRNA sequence	91%	0.0	84%	<i>Ricinus communis</i>	roots
		Storage root cDNA library Ipomoea batatas cDNA, mRNA seq	80%	0.0	87%	<i>Ipomoea batatas</i>	storage root
138	405	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	87%	1,00E-98	83%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		Subtractive cDNA library of <i>Petunia hybrida</i> , Mitchell diploid (W115)(EB-4) <i>Petunia x hybrida</i> cDNA clone drs21P0003F12_F.ab1 2007-08-10, mRNA sequence	96%	4,00E-85	78%	<i>Petunia hybrida</i>	
		In vitro Root <i>Solanum tuberosum</i> cDNA, mRNA sequence	95%	2,00E-84	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	in vitro root
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	84%	2,00E-69	77%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Raphanus sativus</i> GSK3-1 root <i>Raphanus sativus</i> cDNA clone RSCR04P09, mRNA sequence	74%	4,00E-66	79%	<i>Raphanus sativus</i>	root
		<i>Brassica napus</i> Root - drought <i>Brassica napus</i> cDNA, mRNA seq	74%	5,00E-65	79%	<i>Brassica napus</i>	root - drought
		<i>Glycine max</i> callus grown in dark condition <i>Glycine max</i> cDNA clone CCCC22960_3, mRNA sequence	76%	2,00E-64	79%	<i>Glycine max</i>	callus grown in dark condition
139	225	<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEA8YF10CM1, mRNA sequence	100%	1,00E-83	91%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	64%	3,00E-58	96%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		<i>Antirrhinum majus</i> whole plant <i>Antirrhinum majus</i> cDNA clone 018_4_09_109, mRNA sequence	72%	3,00E-52	89%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
		<i>Prunus persica</i> cultivar Manami mesocarp <i>Prunus persica</i> cDNA clone M1208, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Prunus persica</i>	mesocarp
		Tender roots cDNA library of tea plant <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone 08012802-OUYI_CHAG_39_31.M13+_G04, mRNA seq	69%	3,00E-46	87%	<i>Camellia sinensis</i>	tender roots
		<i>Prunus persica</i> cDNA clone PP1000D08, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Prunus persica</i>	
		<i>Actinidia chinensis</i> cell culture <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAVCC00732, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Actinidia chinensis</i>	cell culture
		<i>Actinidia chinensis</i> - active meristems <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAWBB00126, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems

### Πίνακας 73. Συνέχεια

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεως Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
142	294	Prunus persica cDNA similar to similar to putative 40S ribosomal protein S15 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)], mRNA sequence Inflorescence (VvS11) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone SBB03415, mRNA sequence Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone WIN0545_G17 3', mRNA sequence <i>Fagus sylvatica</i> cDNA clone WZ0AFSCA35Y118NM1, mRNA sequence <i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PN40024 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence <i>Mimusulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) <i>Mimusulus guttatus</i> cDNA clone CBPF2156 3', mRNA sequence <i>Prunus persica</i> cDNA clone PPN0406E10, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Prunus persica</i>	putative 40S ribosomal protein S15
			100%	2,00E-55	77%	<i>Vitis vinifera</i>	inflorescence
			100%	2,00E-55	77%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
			100%	3,00E-54	77%	<i>Fagus sylvatica</i>	
			90%	5,00E-51	78%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
			100%	5,00E-51	76%	<i>Mimusulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
			99%	2,00E-49	75%	<i>Prunus persica</i>	
			89%	3,00E-47	76%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	root
			99%	2,00E-44	74%	<i>Gossypium barbadense</i>	root
			99%	2,00E-42	74%	<i>Malus domestica</i>	
			100%	1,00E-39	73%	<i>Cucumis melo</i>	root 46 days after pollination
143	340	Normalized full-length tobacco cDNA library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA clone TBK02GR0100_3_H02 5', mRNA sequence Suspension culture <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone 59074 5', mRNA sequence Potato callus cDNA library, normalized and full-length <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone POCCC11 5' end, mRNA sequence <i>Solanum lycopersicum</i> cv Micro-Tom root <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone LEFL3103H11 5', mRNA sequence	46%	2,00E-44	86%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
			46%	3,00E-35	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	suspension culture
			46%	3,00E-35	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	callus
			42%	1,00E-34	84%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Grape cv. Summer Black flower and fruit <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	47%	1,00E-33	81%	<i>Vitis vinifera</i>	flower and fruit
		<i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVM008A05031 5' similar to emb_CAN60703.1 hypothetical protein [ <i>Vitis vinifera</i> ]. Expect = 3e-109, mRNA sequence	47%	1,00E-33	81%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Malus x domestica</i> cDNA similar to ref NP_178476.1  nonsense-mediated mRNA decay protein -related [ <i>Arabidopsis thaliana</i> ] pir F84452 probable nonsense-mediated mRNA decay protein [imported] - <i>Arabidopsis thaliana</i> gb AAD24816.1  putative nonsense-mediated mRNA decay protein [ <i>Arabidop. mRNA seq</i>	47%	2,00E-32	80%	<i>Malus domestica</i>	nonsense-mediated mRNA decay protein -related
		<i>Citrus clementina</i> cDNA clone KN0AAQ9YL22, mRNA seq	46%	1,00E-28	79%	<i>Citrus clementina</i>	
148	359	<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	41%	3,00E-35	83%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Poncirus trifoliata</i> CTV-challenged cDNA library - UCRPT01-UCR2 <i>Citrus trifoliata</i> cDNA clone UCRPT01_002_T7_E06, mRNA sequence	41%	1,00E-28	80%	<i>Poncirus trifoliata</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PNI62 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	42%	2,00E-26	78%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
		Cab Sauv flower, leaf and root non-normalized (WIN02) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone WIN021_D17 3', mRNA sequence	42%	2,00E-26	78%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
		<i>Panicum virgatum</i> callus (N) <i>Panicum virgatum</i> cDNA clone CCHY17293 3', mRNA sequence	39%	4,00E-21	77%	<i>Panicum virgatum</i>	callus
		<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group) callus <i>Oryza sativa</i> Japonica Group cDNA clone J03B3048J01M3 3', mRNA seq	42%	5,00E-20	75%	<i>Oryza sativa</i>	callus
		<i>Populus euphratica</i> root 3-6 months <i>Populus euphratica</i> cDNA clone P0001600012G04F1, mRNA sequence	39%	5,00E-20	77%	<i>Populus euphratica</i>	root 3-6 months
151	195	<i>Nicotiana benthamiana</i> cDNA, mRNA sequence	97%	4,00E-24	73%	<i>Nicotiana benthamiana</i>	
		<i>Nicotiana tabacum</i> cDNA 5', mRNA sequence	97%	1,00E-18	72%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
		In vitro Root <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone 59761 5', mRNA sequence	98%	5,00E-17	71%	<i>Solanum tuberosum</i>	in vitro root



### Πίνακας 73. Συνέχεια

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη τήληφοφία
		Potato callus cDNA library, normalized and full-length Solanum tuberosum cDNA clone POCCE57 5' end, mRNA sequence	98%	5,00E-17	71%	<i>Solanum tuberosum</i>	callus
155	418	Burma mangrove cDNA library Bruguiera gymnorhiza cDNA clone Bg05-25_D09 5', mRNA sequence	47%	3,00E-56	85%	<i>Burma mangrove</i>	
		Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWCC00810, mRNA sequence	48%	3,00E-55	84%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		Ficus elastica stem cDNA library (FES) Ficus elastica cDNA clone FES007017, mRNA sequence	48%	2,00E-52	84%	<i>Ficus elastica</i>	stem
		Fruits and flowers of Prunus munne cv. Xiyeqing Prunus munne cDNA, mRNA sequence	46%	2,00E-52	84%	<i>Prunus munne</i>	fruits and flowers
		Prunus persica cDNA clone PPN067E05, mRNA sequence	46%	2,00E-51	84%	<i>Prunus persica</i>	
		DevOvary Citrus clementina cDNA clone C32004A02, mRNA sequence	47%	3,00E-49	83%	<i>Citrus clementina</i>	ovary
		Royal Gala young shoot Malus x domestica cDNA clone AVBC069063, mRNA sequence	46%	3,00E-49	83%	<i>Malus domestica</i>	young shoot
		Lotus japonicus salicylic acid and methyljasmonate treated cells Lotus japonicus cDNA clone LjJFL2-023-CH03 5', mRNA seq	47%	1,00E-48	82%	<i>Lotus japonicus</i>	salicylic acid and methyljasmonate treated cells
162	508	One-month old Olive (Olea europaea) cv. Koroneiki seedlings library Olea europaea cDNA, mRNA sequence	73%	2,00E-135	88%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA3YA10CM1, mRNA sequence	89%	3,00E-127	81%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Antirrhinum majus whole plant Antirrhinum majus cDNA clone 018_1_02_h07, mRNA sequence	99%	1,00E-111	79%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	61%	1,00E-105	88%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		T. vesicolor self root extracts Forward SSH library Triphysaria vesicolor cDNA, mRNA sequence	61%	1,00E-105	88%	<i>Triphysaria vesicolor</i>	self root extracts
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC24714 3', mRNA sequence	72%	1,00E-98	83%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
166	694	One-month old Olive (Olea europaea) cv. Koroneiki seedlings library Olea europaea cDNA, mRNA sequence	60%	0.0	96%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA33Y020CM1, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	62%	2,00E-168	90%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Buds (VvS2) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone S2B24493, mRNA seq	43%	5,00E-100	91%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
173	839	Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCJC19574 3', mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) Mimulus guttatus cDNA clone CBPG3970 5', mRNA sequence	38%	2,00E-80	86%	<i>Vitis vinifera</i>	buds
		Late senescent leaf library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA, mRNA seq (roots from unfertilized <i>Solanum tuberosum</i> Shepody) <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone SRA_T3_087_A01_26MAY2005_015 5', mRNA sequence	51%	1,00E-64	73%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA46YH22CM1, mRNA sequence	52%	1,00E-63	73%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
174	740	<i>Castanea mollissima</i> cDNA, mRNA sequence	54%	1,00E-52	70%	<i>Nicotiana tabacum</i>	late senescent leaf
		<i>Pinus pinaster</i> cDNA clone WZ0APPAAIYD06FM1, mRNA seq (roots from <i>Solanum tuberosum</i> Shepody fertilized with nitrogen) <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone SRN_T3_163_F02_10JUN2005_006 5', mRNA sequence	51%	3,00E-34	69%	<i>Solanum tuberosum</i>	unfertilized roots
		Slow drought stressed root cDNA library <i>Cicer arietinum</i> cDNA clone ICC1882_CD73_G03 5', mRNA sequence	79%	0.0	81%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Walnut root infected with <i>Pratylenchus vulnus</i> <i>Juglans hindsii</i> x <i>Juglans regia</i> cDNA clone WRN-02-II_A11 5', mRNA seq	10%	2,00E-09	78%	<i>Castanea mollissima</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PN40024 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	5%	2,00E-05	90%	<i>Pinus pinaster</i>	
		One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	6%	5,00E-05	87%	<i>Solanum tuberosum</i>	roots fertilized with nitrogen
177	690	Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA23YH08CM1, mRNA sequence	6%	5,00E-05	87%	<i>Cicer arietinum</i>	slow drought stressed root
			4%	5,00E-05	94%	<i>Juglans hindsii</i> x <i>Juglans regia</i>	root infected with <i>Pratylenchus vulnus</i>
			7%	2,00E-04	83%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
			58%	8,00E-110	87%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
			61%	2,00E-29	68%	<i>Fraxinus excelsior</i>	

### Πίνακας 73. Συνέχεια

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Τονδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρεά ή άλλη πληροφορίες
		Common Scab-Challenged Tubers Solanum tuberosum cDNA clone 42661 5', mRNA sequence	21%	3,00E-26	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	common scab-challenged tubers
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC18948 5', mRNA sequence	74%	5,00E-24	66%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POADA37 3' end, mRNA sequence	33%	2,00E-16	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	abiotic stress
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	22%	2,00E-15	73%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Prunus persica cultivar Manami mesocarp Prunus persica cDNA clone M0352, mRNA sequence	33%	3,00E-14	69%	<i>Prunus persica</i>	mesocarp
178	858	Ocimum basilicum cDNA clone OB_MEa0001C23 3', mRNA sequence	79%	0.0	81%	<i>Ocimum basilicum</i>	
		Panax ginseng in vitro-cultured adventitious root cDNA library Panax ginseng cDNA, mRNA sequence	80%	1,00E-171	80%	<i>Panax ginseng</i>	<i>in vitro</i> cultured adventitious root
		Populus trichocarpa cDNA clone WS02523_E07 5', mRNA seq	83%	1,00E-153	77%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		Potato abiotic stress cDNA library Solanum tuberosum cDNA clone POADM05 5' end, mRNA sequence	84%	4,00E-153	77%	<i>Solanum tuberosum</i>	abiotic stress
		Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H)	78%	3,00E-148	78%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Mimulus guttatus cDNA clone CBPF8617 5', mRNA sequence	78%	1,00E-146	78%	<i>Gossypium hirsutum</i>	root (free) - 3 weeks after planting
		Root (free) - 3 weeks after planting Gossypium hirsutum cDNA, mRNA sequence	78%	1,00E-146	78%	<i>Gossypium hirsutum</i>	root (free) - 3 weeks after planting
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC2248 5', mRNA sequence	72%	2,00E-143	79%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Vitis vinifera cDNA clone VV01004XIH03 5' similar to gb_ABM67591.1 phenylalanin ammonia-lyase [Vitis vinifera]. Expect = 1e-128, mRNA sequence	74%	1,00E-139	78%	<i>Vitis vinifera</i>	phenylalanin ammonia-lyase
		Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) Vitis vinifera cDNA clone WIN0562_F02 3', mRNA sequence	76%	2,00E-138	77%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
180	494	Panax ginseng in vitro-cultured adventitious root cDNA library Panax ginseng cDNA, mRNA sequence	21%	3,00E-19	81%	<i>Panax ginseng</i>	<i>in vitro</i> cultured adventitious root
		Vaccinium corymbosum cDNA, mRNA sequence	17%	2,00E-08	78%	<i>Vaccinium corymbosum</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
181	541	Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Solanum tuberosum cv. Yungay adult leaf, normalized Solanum tuberosum subsp. andigenum cDNA, mRNA sequence Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Capsicum annuum cDNA, mRNA sequence Tomato root during/after fruit set, Cornell University Solanum lycopersicum cDNA clone cLEX13L18 5', mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC17331 3', mRNA sequence Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Petunia floral post-ethylene cDNA library Petunia x hybrida cDNA clone Petunia-C2H4-26-A10 5' end, mRNA sequence Quercus robur cDNA clone WZ0AQRAP9YM02FM1, mRNA sequence Ralstonia solanacearum challenged root cDNA library of peanut (Arachis hypogaea) Arachis hypogaea cDNA clone ocprra0_0105_C06.ab1, mRNA sequence Root cDNA library of peanut (Arachis hypogaea) Arachis hypogaea cDNA clone ocpnra0_0049_G01.ab1, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA49YP09CMI, mRNA sequence Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC12386 3', mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) Mimulus guttatus cDNA clone CBPF7364 3', mRNA sequence Full-length enriched Striga hermonthica cDNA library Striga hermonthica cDNA clone SHAA-aa106c06 5', mRNA sequence	19% 46% 48% 46% 46% 59% 17% 20% 44% 45% 45% 80% 75% 67% 62% 34%	2,00E-08 5,00E-29 3,00E-26 3,00E-25 2,00E-22 1,00E-18 4,00E-11 1,00E-10 2,00E-09 3,00E-07 1,00E-05 2,00E-166 3,00E-56 5,00E-47 2,00E-45 3,00E-25	76% 72% 71% 70% 69% 68% 78% 75% 67% 66% 66% 93% 74% 73% 74% 77%	Triphysaria pusilla Solanum tuberosum Triphysaria pusilla Capsicum annuum Solanum lycopersicum Mimulus guttatus Triphysaria pusilla Petunia hybrida Quercus robur Arachis hypogaea Arachis hypogaea Fraxinus excelsior Triphysaria pusilla Mimulus guttatus Mimulus guttatus Striga hermonthica	root adult leaf root tip  root during/after fruit set roots root tip floral post-ethylene  Ralstonia solanacearum challenged root root root tip roots roots, seedlings, fruits, callus

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
189	918	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence <i>Olea europaea</i> cv. Leccino fruitlet <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence <i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA26YF08CM1, mRNA sequence T. versicolor self root extracts forward SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence T. versicolor root tip enriched SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence	84%	0.0	88%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		<i>Olea europaea</i> cv. Leccino fruitlet <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	77%	0.0	90%	<i>Olea europaea</i>	cv. Leccino fruitlet
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA26YF08CM1, mRNA sequence	66%	0.0	94%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		T. versicolor self root extracts forward SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence	68%	0.0	86%	<i>Triphysaria versicolor</i>	self root extracts
		T. versicolor root tip enriched SSH library Triphysaria versicolor cDNA, mRNA sequence	68%	0.0	85%	<i>Triphysaria versicolor</i>	root tip
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC17700 3', mRNA sequence	67%	0.0	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
190	651	<i>Ipomoea nil</i> shoot 8-days old seedling <i>Ipomoea nil</i> cDNA clone jms14d24 5', mRNA sequence <i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence Full-length enriched <i>Striga hermorrhica</i> cDNA library <i>Striga hermorrhica</i> cDNA clone SHAA-aaf61e09 5', mRNA sequence <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone cSTS7H10 5' sequence, mRNA sequence	74%	3,00E-103	78%	<i>Ipomoea nil</i>	shoot 8-days old seedling
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	77%	3,00E-102	77%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Full-length enriched <i>Striga hermorrhica</i> cDNA library <i>Striga hermorrhica</i> cDNA clone SHAA-aaf61e09 5', mRNA sequence	74%	1,00E-101	77%	<i>Striga hermorrhica</i>	
		<i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone cSTS7H10 5' sequence, mRNA sequence	79%	5,00E-100	76%	<i>Solanum tuberosum</i>	
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CBPF5618 5', mRNA sequence	73%	5,00E-87	75%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		<i>Nicotiana benthamiana</i> mixed tissue cDNA library, normalized, full-length <i>Nicotiana benthamiana</i> cDNA clone NBMD041 5' end, mRNA sequence	79%	3,00E-84	74%	<i>Nicotiana benthamiana</i>	mixed tissue
		<i>Potato</i> callus cDNA library, normalized and full-length <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone POCDM92 5' end, mRNA sequence	79%	1,00E-82	74%	<i>Solanum tuberosum</i>	callus
		Ginseng cDNA library from MeJA treated hairy root Panax ginseng cDNA clone PG07004C10 5', mRNA sequence	68%	1,00E-76	75%	<i>Panax ginseng</i>	MeJA treated hairy root
		Bræburn cell culture three days after subculture <i>Malus x domestica</i> cDNA clone ABLC002160, mRNA sequence	74%	5,00E-68	73%	<i>Malus domestica</i>	cell culture three days after subculture
		<i>Citrus dementina</i> cDNA clone IC0AAA54CB07, mRNA seq	74%	4,00E-63	71%	<i>Citrus dementina</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Solanum lycopersicum cv Micro-Tom root Solanum lycopersicum cDNA clone LEFL3104G04 5', mRNA sequence	62%	5,00E-62	73%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root
		Swingle citrumelo nematode-challenged root cDNA library - UCRCP01 Citrus x paradisi x Citrus trifoliata cDNA clone UCRCP01_038_T3_A07, mRNA sequence	74%	5,00E-62	71%	<i>Citrus paradisi</i> x <i>Citrus trifoliata</i>	nematode-challenged root
191	570	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	32%	1,00E-80	95%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		<i>Vaccinium corymbosum</i> cDNA, mRNA sequence	37%	3,00E-19	71%	<i>Vaccinium corymbosum</i>	
		<i>Fagus crenata</i> inner bark cDNA library <i>Fagus crenata</i> cDNA clone Fc_TUM08_06D05, mRNA sequence	27%	2,00E-15	74%	<i>Fagus crenata</i>	inner bark
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CBPG6199 3', mRNA sequence	11%	2,00E-09	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC13356 3', mRNA sequence	11%	2,00E-09	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots



**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		hypothetical protein CICLE_v10028892mg [Citrus clementina]	69%	5,00E-154	72%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		sorbitol-6-phosphate dehydrogenase 1 [Malus domestica]	69%	1,00E-132	64%	<i>Malus domestica</i>	sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		NADP-dependent sorbitol-6-phosphate dehydrogenase [Prunus lusitanica]	52%	1,00E-98	63%	<i>Prunus lusitanica</i>	NADP-dependent sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
100	1097	glucosyltransferase [Nicotiana tabacum]	91%	1,00E-143	63%	<i>Nicotiana tabacum</i>	glucosyltransferase
		UDP-glucose crocetin glucosyltransferase [Gardenia jasminoides]	90%	2,00E-137	61%	<i>Gardenia jasminoides</i>	UDP-glucose crocetin glucosyltransferase
		PREDICTED: UDP-glycosyltransferase 75D1-like [Vitis vinifera]	91%	5,00E-125	58%	<i>Vitis vinifera</i>	UDP-glycosyltransferase
		PREDICTED: anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase-like [Solanum tuberosum]	91%	1,00E-120	52%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase
		Indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase family protein [Populus trichocarpa] >gb ABK96313.1  unknown [Populus trichocarpa x Populus deltoides]	84%	5,00E-119	59%	<i>Populus trichocarpa</i>	indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase
		UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase [Pyrus communis]	91%	5,00E-114	53%	<i>Pyrus communis</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
		UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase [Theobroma cacao]	91%	3,00E-113	53%	<i>Theobroma cacao</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
		UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase [Malus domestica]	91%	4,00E-113	53%	<i>Malus domestica</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
		monoterpene glucosyltransferase [Eucalyptus perriniana]	90%	1,00E-103	50%	<i>Eucalyptus perriniana</i>	monoterpene glucosyltransferase
		UDP-glucose:indole-3-acetate beta-D-glucosyltransferase [Arabidopsis thaliana]	83%	2,00E-75	41%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	UDP-glucose:indole-3-acetate beta-D-glucosyltransferase
		putative glucosyltransferase, partial [Olea europaea]	36%	3,00E-75	98%	<i>Olea europaea</i>	glucosyltransferase
101	1473	PREDICTED: protein pelota-like [Solanum tuberosum]	76%	0.0	89%	<i>Solanum tuberosum</i>	pelota
		Eukaryotic release factor 1 (eRF1) family protein isoform 1 [Theobroma cacao]	76%	0.0	86%	<i>Theobroma cacao</i>	eukaryotic release factor 1 (eRF1) family protein



**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκλυσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: protein pelota [Vitis vinifera] >emb CB117667.3  unnamed protein product [Vitis vinifera] pelota, putative [Ricinus communis] >gb EIEF50066.1  pelota, putative [Ricinus communis]	76%	0.0	86%	<i>Vitis vinifera</i>	pelota
		hypothetical protein PRUPE_ppa007181mg [Prunus persica]	76%	0.0	85%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PELOTA family protein [Populus trichocarpa] >gb EIEE93745.2  PELOTA family protein [Populus trichocarpa]	76%	0.0	85%	<i>Populus trichocarpa</i>	pelota
		PREDICTED: protein pelota-like [Glycine max]	76%	0.0	84%	<i>Glycine max</i>	pelota
		hypothetical protein CICLE_v10023555mg [Citrus clementina]	76%	0.0	79%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		Eukaryotic release factor 1 (eRF1) family protein [Arabidopsis thaliana] >gb AAC82379.1  pelota [Arabidopsis thaliana]	76%	0.0	80%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	eukaryotic release factor 1 (eRF1) family protein
103	1183	PREDICTED: probable transcriptional regulatory protein At2g25830-like isoform X4 [Solanum tuberosum]	74%	2,00E-65	60%	<i>Solanum tuberosum</i>	transcriptional regulatory protein
		YebC-related isoform 1 [Theobroma cacao]	74%	4,00E-57	56%	<i>Theobroma cacao</i>	YebC-related isoform 1
		hypothetical protein CICLE_v10008913mg [Citrus clementina]	74%	2,00E-55	56%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein POPTR_0006s25480g [Populus trichocarpa] >gb EIEE92125.2  hypothetical protein POPTR_0006s25480g [Populus trichocarpa]	74%	4,00E-55	54%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb EIEF45845.1  conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	61%	1,00E-52	60%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: UPEF0082 protein At2g25830-like isoform 1 [Brachypodium distachyon]	58%	2,00E-44	56%	<i>Brachypodium distachyon</i>	UPEF0082 protein
		PREDICTED: probable transcriptional regulatory protein At2g25830-like [Cucumis sativus]	61%	1,00E-43	54%	<i>Cucumis sativus</i>	transcriptional regulatory protein
107	1288	PREDICTED: translation factor GUF1 homolog, mitochondrial-like [Setaria italica]	17%	7.6	30%	<i>Setaria italica</i>	translation factor GUF1
108	1029	hypothetical protein POPTR_0004s23450g [Populus trichocarpa]	98%	1,00E-120	63%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa004923mg [Prunus persica]	96%	1,00E-118	63%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: regulator of nonsense transcripts UPF3-like [Solanum tuberosum]	100%	2,00E-115	65%	<i>Solanum tuberosum</i>	regulator of nonsense transcripts
		Smg-4/UPF3 family protein, putative isoform 1 [Theobroma cacao]	99%	4,00E-110	63%	<i>Theobroma cacao</i>	smg-4/UPF3 family protein
		conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb EEF35930.1  conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	98%	2,00E-98	55%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: regulator of nonsense transcripts UPF3-like isoform X2 [Cicer arietinum]	98%	4,00E-91	54%	<i>Cicer arietinum</i>	regulator of nonsense transcripts
		hypothetical protein VITISV_035617 [Vitis vinifera]	73%	4,00E-62	57%	<i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein CICLE_v10024224mg [Citrus clementina]	18%	2,00E-23	71%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
109	1158	PREDICTED: putative DNA repair protein RAD23-1-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	81%	1,00E-127	68%	<i>Fragaria vesca</i>	DNA repair protein
		Rad23 UV excision repair protein family isoform 1 [Theobroma cacao]	81%	2,00E-127	72%	<i>Theobroma cacao</i>	uv excision repair protein
		hypothetical protein CICLE_v100258682mg, partial [Citrus clementina]	61%	2,00E-127	81%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: ubiquitin receptor RAD23b-like [Solanum tuberosum]	81%	4,00E-125	67%	<i>Solanum tuberosum</i>	ubiquitin receptor RAD23b
		hypothetical protein PRUPE_ppa007284mg [Prunus persica]	81%	2,00E-124	68%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: putative DNA repair protein RAD23-1-like [Solanum lycopersicum]	81%	1,00E-121	67%	<i>Solanum lycopersicum</i>	DNA repair protein RAD23
		DNA repair protein RAD23 [Populus trichocarpa] >gb EEE78949.1  DNA repair protein RAD23 [Populus trichocarpa]	81%	4,00E-118	65%	<i>Populus trichocarpa</i>	DNA repair protein RAD23
		putative DNA repair protein RAD23-1 [Arabidopsis thaliana] >sp Q84L33.3 RD23B_ARATH RecName: Full=Ubiquitin receptor RAD23b; Short=AtRAD23b	81%	5,00E-113	61%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	DNA repair protein RAD23
110	1071	predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006368443.1  GMFP4 family protein [Populus trichocarpa]	63%	3,00E-68	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	predicted protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100815033 [Glycine max]	63%	5,00E-68	66%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		PREDICTED: tetraspanin-20-like isoform X1 [Cicer arietinum]	63%	2,00E-66	66%	<i>Cicer arietinum</i>	tetraspanin
		GMFP4 [Medicago truncatula] >gblAESS94403.1 GMFP4 [Medicago truncatula]	63%	2,00E-64	63%	<i>Medicago truncatula</i>	
		hypothetical protein PRUPE_ppa009704mg [Prunus persica]	63%	3,00E-60	65%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: tetraspanin-18-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	63%	2,00E-51	62%	<i>Fragaria vesca</i>	tetraspanin
		UDP rhamnose-anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase-like protein [Arabidopsis thaliana]	39%	1,00E-42	59%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	UDP rhamnose-anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase
		PREDICTED: UDP-glycosyltransferase 79B6-like [Vitis vinifera]	33%	4,00E-42	70%	<i>Vitis vinifera</i>	UDP-glycosyltransferase
118	1120	DEAD box RNA helicase isoform 1 [Theobroma cacao]	64%	1,00E-73	66%	<i>Theobroma cacao</i>	DEAD box RNA helicase
		hypothetical protein POPTR_0005s00200g [Populus trichocarpa]	63%	2,00E-72	66%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa001778mg [Prunus persica]	64%	5,00E-69	62%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic [Vitis vinifera] >emb CB139694.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	44%	1,00E-67	82%	<i>Vitis vinifera</i>	dead-box ATP-dependent RNA helicase
		PREDICTED: DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like [Glycine max]	64%	1,00E-64	61%	<i>Glycine max</i>	dead-box ATP-dependent RNA helicase
		PREDICTED: DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like [Solanum lycopersicum]	64%	2,00E-63	59%	<i>Solanum lycopersicum</i>	dead-box ATP-dependent RNA helicase
		PREDICTED: DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	43%	5,00E-58	76%	<i>Fragaria vesca</i>	dead-box ATP-dependent RNA helicase
122	923	DNA binding protein, putative [Ricinus communis] >gbl EFP46397.1  DNA binding protein, putative [Ricinus communis]	99%	0.0	85%	<i>Ricinus communis</i>	DNA binding protein
		PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like isoform 1 [Vitis vinifera]	99%	0.0	86%	<i>Vitis vinifera</i>	homeobox-leucine zipper protein ATHB-15
		Homeobox-leucine zipper family protein / lipid-binding START domain-containing protein isoform 4 [Theobroma cacao]	99%	0.0	85%	<i>Theobroma cacao</i>	homeobox-leucine zipper family protein / lipid-binding

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like [Glycine max]	99%	0.0	84%	<i>Glycine max</i>	homeobox-leucine zipper protein
		homeobox-leucine zipper family protein [Populus trichocarpa] >gb AA19055.1  class III HD-Zip protein 6 [Populus trichocarpa]	99%	0.0	84%	<i>Populus trichocarpa</i>	homeobox-leucine zipper family protein
		PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like [Solanum lycopersicum]	99%	0.0	84%	<i>Solanum lycopersicum</i>	homeobox-leucine zipper protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa001405mg [Prunus persica]	99%	0.0	83%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like [Cicer arietinum]	99%	0.0	83%	<i>Cicer arietinum</i>	homeobox-leucine zipper protein
125	1010	PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial [Solanum tuberosum]	50%	1,00E-96	85%	<i>Solanum tuberosum</i>	ATP synthase subunit gamma
		ATP synthase f1, gamma subunit, putative [Ricinus communis]	50%	4,00E-93	85%	<i>Ricinus communis</i>	ATP synthase subunit gamma
		hypothetical protein CICLE_v100211692mg, partial [Citrus clementina]	50%	2,00E-92	85%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like [Cucumis sativus]	49%	1,00E-90	83%	<i>Cucumis sativus</i>	ATP synthase subunit gamma
		PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial [Vitis vinifera] >emb CBI15122.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	50%	2,00E-90	84%	<i>Vitis vinifera</i>	ATP synthase subunit gamma
		predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006374402.1  ATP synthase gamma chain family protein [Populus trichocarpa]	50%	4,00E-88	79%	<i>Populus trichocarpa</i>	ATP synthase subunit gamma
		PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like [Glycine max]	48%	1,00E-85	80%	<i>Glycine max</i>	ATP synthase subunit gamma
		ATP synthase subunit gamma [Arabidopsis thaliana] >sp Q96250.1 ATPG3_ARATH RecName: Full=ATP synthase subunit gamma, mitochondrial; AltName: Full=F-ATPase gamma subunit	50%	2,00E-80	73%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATP synthase subunit gamma
126	601	PREDICTED: protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1-like [Solanum tuberosum]	28%	2,00E-15	62%	<i>Solanum tuberosum</i>	protein brassinazole-resistant

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		Brassinosteroid signaling positive regulator family protein [Theobroma cacao]	28%	3,00E-15	64%	<i>Theobroma cacao</i>	brassinosteroid signaling positive regulator
		hypothetical protein POPTR_0005s12790g [Populus trichocarpa] >gbl ABK96008.1 unknown [Populus trichocarpa]	20%	1,00E-13	76%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		brassinazole-resistant 1 protein [Arabidopsis thaliana] >ref NP_974145.1 brassinazole-resistant 1 protein [Arabidopsis thaliana] >sp Q8S307.1 BZR1_ARATH RecName: Full=Protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1; AltName: Full=Protein BIN2 SUBSTRATE 2	28%	2,00E-12	56%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	brassinazole-resistant
		hypothetical protein CICLE_v10026102mg [Citrus clementina]	21%	2,00E-11	68%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: BES1/BZR1 homolog protein 2-like [Solanum lycopersicum]	21%	5,00E-11	64%	<i>Solanum lycopersicum</i>	BES1/BZR1 homolog protein
		BRASSINAZOLE-RESISTANT 1 protein, putative [Ricinus communis]	19%	5,00E-11	70%	<i>Ricinus communis</i>	brassinazole-resistant
		PREDICTED: BES1/BZR1 homolog protein 2-like [Vitis vinifera]	21%	4,00E-09	66%	<i>Vitis vinifera</i>	BES1/BZR1 homolog protein
		PREDICTED: BES1/BZR1 homolog protein 2-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	18%	3,00E-08	66%	<i>Fragaria vesca</i>	BES1/BZR1 homolog protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa009388mg [Prunus persica]	13%	2,00E-06	81%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
127	1100	PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like [Vitis vinifera]	39%	5,00E-65	73%	<i>Vitis vinifera</i>	pentatricopeptide repeat-containing protein
		hypothetical protein CICLE_v10033899mg [Citrus clementina]	39%	1,00E-63	71%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein POPTR_0018s10010g [Populus trichocarpa]	39%	2,00E-63	72%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein [Theobroma cacao]	39%	1,00E-61	68%	<i>Theobroma cacao</i>	tetratricopeptide repeat
		PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like [Glycine max]	36%	1,00E-61	70%	<i>Glycine max</i>	tetratricopeptide repeat
		TPA: pentatricopeptide repeat protein PPR986-12 [Zea mays]	36%	2,00E-61	69%	<i>Zea mays</i>	tetratricopeptide repeat
		PREDICTED: pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like isoform XI [Solanum tuberosum]	36%	1,00E-59	69%	<i>Solanum tuberosum</i>	tetratricopeptide repeat

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
129	384	hypothetical protein PRUPE_ppa024598mg [Prunus persica] hypothetical protein PHAVU_011G075000g [Phaseolus vulgaris]	37% 30%	3,00E-46 5,00E-19	57% 100%	<i>Prunus persica</i> <i>Phaseolus vulgaris</i>	hypothetical protein hypothetical protein
130	394	Cell wall-associated hydrolase [Medicago truncatula] unknown [Medicago truncatula]	40% 15%	3,00E-04 0.062	67% 80%	<i>Medicago truncatula</i> <i>Medicago truncatula</i>	cell wall-associated hydrolase unknown
131	307	histone H3, partial [Zea mays] histone H3 (AA 1-58) [Medicago sativa]	37% 25%	4,00E-10 1,00E-09	79% 100%	<i>Zea mays</i> <i>Medicago sativa</i>	histone H3 histone H3
		hypothetical protein POPTR_0003s22180g [Populus trichocarpa]	25%	1,00E-09	100%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: histone H3.2-like, partial [Cucumis sativus]	25%	2,00E-09	100%	<i>Cucumis sativus</i>	histone H3
		putative histone H3, partial [Pyrus pyrifolia var. culta]	25%	2,00E-09	100%	<i>Pyrus pyrifolia</i>	histone H3
		unnamed protein product [Vitis vinifera]	25%	2,00E-09	100%	<i>Vitis vinifera</i>	unnamed protein product
		hypothetical protein CICLE_v10017848mg [Citrus clementina]	25%	2,00E-09	100%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		Histone H3.3 [Arabidopsis thaliana]	25%	4,00E-09	100%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	histone H3
132	949	PREDICTED: histone H3.2-like [Solanum lycopersicum] ribosomal protein L3 [Solanum lycopersicum]	25% 94%	4,00E-09 0.0	100% 95%	<i>Solanum lycopersicum</i> <i>Solanum lycopersicum</i>	hypothetical protein histone H3 ribosomal protein L3
		60S ribosomal protein L3, putative [Ricinus communis]	94%	0.0	94%	<i>Ricinus communis</i>	60S ribosomal protein L3
		ribosomal protein L3A [Nicotiana tabacum]	94%	0.0	94%	<i>Nicotiana tabacum</i>	ribosomal protein L3
		PREDICTED: 60S ribosomal protein L3-like [Vitis vinifera]	94%	0.0	94%	<i>Vitis vinifera</i>	60S ribosomal protein L3
		Ribosomal protein 1 [Theobroma cacao]	94%	0.0	93%	<i>Theobroma cacao</i>	ribosomal protein
		ribosomal protein 1 [Populus trichocarpa] >gb ABK93633.1  unknown [Populus trichocarpa]	94%	0.0	93%	<i>Populus trichocarpa</i>	ribosomal protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίκιος	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		PREDICTED: 60S ribosomal protein L3-like [Glycine max]	94%	0.0	92%	<i>Glycine max</i>	60S ribosomal protein L3
		hypothetical protein CICLE_v10001454mg [Citrus clementina]	94%	0.0	92%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa006941mg [Prunus persical]	94%	0.0	91%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		60S ribosomal protein L3-2 [Arabidopsis thaliana] >sp P22738.4 RL32_ARATH RecName: Full=60S ribosomal protein L3-2	94%	0.0	91%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L3
138	405	PREDICTED: inorganic phosphate transporter 1-4-like [Solanum tuberosum]	94%	3,00E-60	86%	<i>Solanum tuberosum</i>	inorganic phosphate transporter
		inorganic phosphate transporter [Solanum lycopersicum]	94%	2,00E-58	84%	<i>Solanum lycopersicum</i>	inorganic phosphate transporter
		inorganic phosphate transporter [Nicotiana tabacum]	94%	2,00E-55	82%	<i>Nicotiana tabacum</i>	inorganic phosphate transporter
		putative phosphate transporter [Arabidopsis thaliana]	94%	2,00E-54	77%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	inorganic phosphate transporter
		PREDICTED: probable inorganic phosphate transporter 1-7-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	94%	1,00E-52	81%	<i>Fragaria vesca</i>	inorganic phosphate transporter
		probable inorganic phosphate transporter 1-7-like [Glycine max] >gb ACYP19341.1  phosphate transporter 7 [Glycine max] >gb ACY74612.1  phosphate transporter1-1 [Glycine max]	94%	2,00E-52	80%	<i>Glycine max</i>	inorganic phosphate transporter
		high affinity inorganic phosphate transporter [Populus trichocarpa]	82%	3,00E-52	87%	<i>Populus trichocarpa</i>	inorganic phosphate transporter
		inorganic phosphate transporter, putative [Ricinus communis] >gb EEF30851.1  inorganic phosphate transporter, putative [Ricinus communis]	94%	1,00E-50	80%	<i>Ricinus communis</i>	inorganic phosphate transporter
		PREDICTED: probable inorganic phosphate transporter 1-7-like [Vitis vinifera]	94%	3,00E-50	77%	<i>Vitis vinifera</i>	inorganic phosphate transporter
139	225	PREDICTED: 40S ribosomal protein S15-like isoform 2 [Fragaria vesca subsp. vesca]	64%	4,00E-30	98%	<i>Fragaria vesca</i>	40S ribosomal protein S15
		hypothetical protein PRUPE_ppa012840mg [Prunus persical]	64%	4,00E-30	98%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		40S ribosomal protein S15-like [Solanum tuberosum]	64%	1,00E-29	94%	<i>Solanum tuberosum</i>	40S ribosomal protein S15

**Πίνακας 69.** Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		<i>Solanum tuberosum</i> F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC102586364), transcript variant X2, mRNA	98%	0.0	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		<i>Ricinus communis</i> conserved hypothetical protein, mRNA	98%	0.0	82%	<i>Ricinus communis</i>	conserved hypothetical protein
		<i>Nicotiana tabacum</i> mRNA for hypothetical protein (mc307 gene)	98%	0.0	81%	<i>Nicotiana tabacum</i>	mRNA for hypothetical protein
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0017s00410g) mRNA, complete cds	98%	0.0	81%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC101297382), mRNA	98%	0.0	79%	<i>Fragaria vesca</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		<i>Cucumis sativus</i> F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC101224921), mRNA	98%	0.0	79%	<i>Cucumis sativus</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		<i>Cicer arietinum</i> F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like (LOC101501816), mRNA	97%	0.0	79%	<i>Cicer arietinum</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		<i>Arabidopsis lyrata</i> subsp. <i>lyrata</i> hypothetical protein, mRNA	98%	0.0	77%	<i>Arabidopsis lyrata</i>	hypothetical protein
		<i>Arabidopsis thaliana</i> Ankyrin repeat family protein mRNA, complete cds	98%	0.0	76%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Ankyrin repeat family protein
10	976	<i>Olea europaea</i> mRNA for beta-1,3-glucanase (glu-4 gene)	27%	1,00E-99	91%	<i>Olea europaea</i>	1,3-glucanase
		<i>Solanum tuberosum</i> ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC102592995), mRNA	35%	2,00E-76	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	ATP synthase subunit O
		<i>Solanum lycopersicum</i> ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC101244808), mRNA	35%	2,00E-76	79%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ATP synthase subunit O
		<i>Vitis vinifera</i> ATP synthase subunit O, mitochondrial-like, transcript variant 1 (LOC100241422), mRNA	36%	1,00E-68	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ATP synthase subunit O
		<i>Ricinus communis</i> ATP synthase delta chain, putative, mRNA	35%	3,00E-68	77%	<i>Ricinus communis</i>	ATP synthase delta chain
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC101295269), mRNA	35%	1,00E-61	76%	<i>Fragaria vesca</i>	ATP synthase subunit O
		<i>Cucumis sativus</i> ATP synthase subunit O, mitochondrial-like (LOC101231522), mRNA	37%	1,00E-54	73%	<i>Cucumis sativus</i>	ATP synthase subunit O
		<i>Phaseolus vulgaris</i> clone BE3156 oligomycin sensitivity conferring protein mRNA, complete cds	35%	1,00E-47	73%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	oligomycin sensitivity conferring protein



**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. απουκίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράντζας Γουδιών που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρε ή άλλη πληροφορία
		<i>Vitis vinifera</i> uncharacterized LOC100261125, transcript variant 3 (LOC100261125), mRNA	18%	2,00E-20	71%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 5, complete sequence	22%	4,00E-11	68%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 5
		<i>Solanum lycopersicum</i> cv. Heinz 1706, chromosome 5 BAC clone C05SI.m011818, complete sequence	3%	1,00E-05	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 5
		<i>Populus EST</i> from mild drought-stressed leaves	7%	4,00E-05	90%	<i>Populus</i>	EST from mild drought-stressed leaves
		<i>Zea mays</i> clone 423929 DNA-3-methyladenine glycosylase I mRNA, complete cds	3%	1,00E-04	88%	<i>Zea mays</i>	DNA-3-methyladenine glycosylase I
18	1016	<i>Camellia sinensis</i> general transcription factor mRNA, complete cds	98%	0.0	77%	<i>Camellia sinensis</i>	general transcription factor
		<i>Vitis vinifera</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC100249755), mRNA	98%	0.0	77%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Solanum tuberosum</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC102603411), mRNA	99%	0.0	76%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Solanum lycopersicum</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC101251518), mRNA	99%	0.0	76%	<i>Solanum lycopersicum</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Populus trichocarpa</i> transcription factor-related family protein (POPTR_0007s04010g), mRNA, complete cds	98%	5,00E-123	70%	<i>Populus trichocarpa</i>	transcription factor
		<i>Cucumis sativus</i> probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like (LOC101224181), mRNA	84%	3,00E-88	69%	<i>Cucumis sativus</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		<i>Solanum lycopersicum</i> strain Heinz 1706 chromosome 1 clone hba-60a6 map 1, complete sequence	78%	3,00E-19	82%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 1
21	1020	<i>Solanum tuberosum</i> acidic mammalian chitinase-like (LOC102600109), mRNA	88%	1,00E-68	67%	<i>Solanum tuberosum</i>	acidic mammalian chitinase
		<i>Vitis vinifera</i> acidic mammalian chitinase-like, mRNA	76%	1,00E-66	68%	<i>Vitis vinifera</i>	acidic mammalian chitinase
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein mRNA, complete cds	88%	2,00E-64	66%	<i>Populus trichocarpa</i>	

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E. value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
33	309	<i>Prunus cerasifera</i> cultivar Myrobalan alcohol dehydrogenase-like mRNA, complete sequence <i>Oryza sativa</i> cDNA clone:OSIGCFA225E23, full insert sequence <i>Oryza sativa</i> Japonica Group U box domain-containing protein mRNA, complete cds <i>Oryza sativa</i> Japonica Group clone KCS336E07 histone H3 mRNA, complete cds <i>Oryza sativa</i> Japonica Group clone KCS336E07 histone H3 mRNA, complete cds <i>Oryza sativa</i> disease-resistant-related protein (RH3) mRNA, complete cds <i>Prunus persica</i> histone variant H3.3 mRNA, complete cds <i>Pyrus pyrifolia</i> var. culta mRNA for putative histone H3, partial cds, clone: HistoneH3#1 <i>Fragaria vesca</i> subsp. vesca histone H3.3-like (LOC101310256), mRNA <i>Solanum lycopersicum</i> histone H3.3-like (LOC101262275), mRNA	62% 77% 77% 77% 77% 77% 76% 76% 76% 78% 76%	2,00E-30 3,00E-82 3,00E-81 3,00E-81 3,00E-81 2,00E-78 2,00E-77 2,00E-77 1,00E-74 4,00E-74 5,00E-72	82% 89% 88% 88% 88% 88% 88% 88% 87% 86% 86%	<i>Prunus cerasifera</i> <i>Oryza sativa</i> <i>Oryza sativa</i> <i>Oryza sativa</i> <i>Oryza sativa</i> <i>Oryza sativa</i> <i>Prunus persica</i> <i>Pyrus pyrifolia</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Populus</i>	alcohol dehydrogenase  U box domain histone H3 histone H3 disease-resistant-related protein histone H3.3 histone H3 histone H3.3 histone H3.3 severe drought-stressed leaves
36	410	<i>Populus trichocarpa</i> histone H3 (HTR901), mRNA <i>Vitis vinifera</i> histone H3.3-like (LOC100855220), mRNA <i>Digitalis purpurea</i> small subunit ribosomal RNA (mtSSU) gene, partial sequence; mitochondrial gene for mitochondrial product <i>Panax ginseng</i> 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; mitochondrial <i>Daucus carota</i> subsp. sativus mitochondrion, complete genome <i>Gossypium hirsutum</i> mitochondrion, complete genome <i>Ricinus communis</i> mitochondrion, complete genome	76% 77% 100% 100% 100% 100% 100%	2,00E-71 3,00E-68 0.0 0.0 0.0 4,00E-177 4,00E-176	86% 85% 98% 97% 95% 94% 94%	<i>Populus trichocarpa</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Digitalis purpurea</i> <i>Panax ginseng</i> <i>Daucus carota</i> <i>Gossypium hirsutum</i> <i>Ricinus communis</i>	histone H3 histone H3.3 ribosomal RNA 18S ribosomal RNA gene mitochondrion mitochondrion mitochondrion

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αρωκτίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράντζας Γουδιών που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρεά ή άλλη πληροφορία
		<i>Arabidopsis thaliana</i> RNA helicase family protein mRNA, complete cds	62%	2,00E-20	74%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	RNA helicase
41	373	<i>Vernicia fordii</i> translationally controlled tumor protein (TCTP) mRNA, complete cds	78%	1,00E-93	86%	<i>Vernicia fordii</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Hevea brasiliensis</i> translationally controlled tumor protein (TCTP) mRNA, complete cds	78%	3,00E-89	85%	<i>Hevea brasiliensis</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Ricinus communis</i> Translationally-controlled tumor protein, putative, mRNA	76%	1,00E-87	86%	<i>Ricinus communis</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Populus trichocarpa</i> translationally controlled tumor-like family protein (POPTR_0008822310g) mRNA, complete cds	76%	4,00E-87	86%	<i>Populus trichocarpa</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> translationally-controlled tumor protein homolog (LOC101311180), mRNA	76%	1,00E-80	84%	<i>Fragaria vesca</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Cicer arretinum</i> translationally-controlled tumor protein homolog (LOC101496634), mRNA	75%	2,00E-78	84%	<i>Cicer arretinum</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Litchi chinensis</i> translationally controlled tumor protein (TCTP) mRNA, complete cds	74%	2,00E-77	83%	<i>Litchi chinensis</i>	translationally controlled tumor protein
		<i>Populus trichocarpa</i> callus protein P23 (POPTR_0005802470g) mRNA, complete cds	77%	2,00E-73	82%	<i>Populus trichocarpa</i>	callus protein
		<i>Vitis vinifera</i> translationally-controlled tumor protein homolog-like, transcript variant 1 (LOC100251175), mRNA	74%	3,00E-70	82%	<i>Vitis vinifera</i>	translationally-controlled tumor protein
43	418	<i>Solanum tuberosum</i> uncharacterized LOC102590809, mRNA	62%	2,00E-22	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	
		<i>M.truncatula</i> DNA sequence from clone MTH2-10C20 on chromosome 3, complete sequence	22%	2,00E-10	77%	<i>Medicago truncatula</i>	chromosome 3
		<i>Cucumis sativus</i> lipoxygenase homology domain-containing protein 1-like (LOC101210609), mRNA	34%	4,00E-05	68%	<i>Cucumis sativus</i>	lipoxygenase
46	360	<i>Solanum tuberosum</i> lysophospholipid acyltransferase 1-like (LOC102586748), mRNA	16%	3,00E-13	91%	<i>Solanum tuberosum</i>	lysophospholipid acyltransferase 1
		<i>Solanum lycopersicum</i> membrane-bound O-acyltransferase domain-containing protein 2-like (LOC101249665), mRNA	16%	3,00E-13	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	membrane-bound O-acyltransferase
		<i>Solanum lycopersicum</i> DNA, chromosome 8, clone: C08SL60010M05, complete sequence	16%	3,00E-13	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 8

**Πίνακας 69.** Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E. value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Glycine max two pore calcium channel protein 1-like (LOC100806160), miscRNA	30%	4,00E-10	78%	<i>Glycine max</i>	two pore calcium channel protein 1
		Arabidopsis thaliana two pore calcium channel protein 1 mRNA, complete cds	21%	2,00E-08	83%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	two pore calcium channel protein 1
		<i>Vitis vinifera</i> contig VV78X066285.6, whole genome shotgun sequence	40%	2,00E-08	81%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Solanum tuberosum</i> two pore calcium channel protein 1B-like (LOC102594366), mRNA	29%	1,00E-04	73%	<i>Solanum tuberosum</i>	two pore calcium channel protein 1
		<i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 4, complete genome	25%	1,00E-04	84%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chromosome 4
53	147	<i>Vitis vinifera</i> , whole genome shotgun sequence, contig VV78X140903.16, clone ENTAV 115	21%	6,00E-04	94%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Vernonia galamensis</i> type 1 diacylglycerol acyltransferase (DGAT1B) mRNA, complete cds	32%	0.085	79%	<i>Vernonia galamensis</i>	diacylglycerol acyltransferase
		<i>Jatropha curcas</i> Mn superoxide dismutase (MnSOD) mRNA, complete cds	25%	0.30	84%	<i>Jatropha curcas</i>	Mn superoxide dismutase
		<i>Solanum tuberosum</i> clone 099H05 ribosomal protein S14-like mRNA, complete cds	28%	0.30	81%	<i>Solanum tuberosum</i>	ribosomal protein S14
65	594	<i>Olea europaea</i> hypothetical protein mRNA, partial cds	69%	0.0	97%	<i>Olea europaea</i>	
		<i>Cucumis sativus</i> bark storage protein A-like (LOC101208152), mRNA >ref XM_004171215.1  PREDICTED: <i>Cucumis sativus</i> bark storage protein A-like (LOC101208152), mRNA	99%	3,00E-73	71%	<i>Cucumis sativus</i>	bark storage protein A
		<i>Vitis vinifera</i> bark storage protein A-like, mRNA	97%	4,00E-71	71%	<i>Vitis vinifera</i>	bark storage protein A
		<i>Olea europaea</i> partial mRNA for putative bark storage protein (BSP gene), cultivar 18, clone SABS	72%	6,00E-50	71%	<i>Olea europaea</i>	bark storage protein
		<i>Glycine max</i> bark storage protein A-like, mRNA	95%	2,00E-49	69%	<i>Glycine max</i>	bark storage protein A
		<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> bark storage protein A-like, mRNA	95%	4,00E-46	68%	<i>Fragaria vesca</i>	bark storage protein A
66	688	<i>Solanum tuberosum</i> probable 6-phosphoglucosaminolactonase 4, chloroplast-like (LOC102580619), misc_RNA	32%	3,00E-42	78%	<i>Solanum tuberosum</i>	6-phosphoglucosaminolactonase 4
		<i>Populus trichocarpa</i> glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase family protein mRNA, complete cds	32%	2,00E-32	75%	<i>Populus trichocarpa</i>	glucosamine/galactosamine-6-phosphate isomerase

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αρωκίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου βρέα ή άλλη πληροφορία
		Populus EST from severe drought-stressed leaves	7%	4,00E-07	91%	<i>Populus</i>	severe drought-stressed leaves
73	830	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> uncharacterized LOC101314162 (LOC101314162), mRNA	34%	3,00E-30	71%	<i>Fragaria vesca</i>	
		<i>Medicago truncatula</i> clone mnh2-26b4, complete sequence	35%	3,00E-29	70%	<i>Medicago truncatula</i>	
		<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0011s12740g) mRNA, complete cds	15%	3,00E-24	81%	<i>Populus trichocarpa</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> contig VV78X265502.2, whole genome shotgun sequence	15%	3,00E-23	80%	<i>Vitis vinifera contig</i>	
		<i>Solanum lycopersicum</i> wound induced protein (LOC544070), mRNA	32%	2,00E-12	66%	<i>Solanum lycopersicum</i>	wound induced protein
78	610	<i>Nicotiana tabacum</i> mRNA for putative cytosolic cysteine synthase 7 (gas7 gene)	67%	3,00E-135	86%	<i>Nicotiana tabacum</i>	cytosolic cysteine synthase
		<i>Glycine max</i> cysteine synthase (OAS-TL1), mRNA >gb EF43420.1  <i>Glycine max</i> cysteine synthase (OAS-TL1) mRNA, complete cds	68%	2,00E-125	84%	<i>Glycine max</i>	cysteine synthase
		<i>Solanum lycopersicum</i> cysteine synthase-like (LOC101244415), mRNA	67%	1,00E-121	84%	<i>Solanum lycopersicum</i>	cysteine synthase
		<i>Populus trichocarpa</i> O-acetylserine (thiol)lyase family protein (POPTR_0030s00390g) mRNA, complete cds	67%	1,00E-116	83%	<i>Populus trichocarpa</i>	O-acetylserine (thiol)lyase
		<i>Solanum tuberosum</i> PCS-1 mRNA for cytosolic cysteine synthase, complete cds	67%	3,00E-116	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	cytosolic cysteine synthase
		<i>Vitis vinifera</i> cysteine synthase-like (LOC100264196), mRNA	67%	5,00E-114	82%	<i>Vitis vinifera</i>	cysteine synthase
		<i>Prunus persica</i> clone ContigJ301 O-acetylserine acetyltransferase (OAS-TL) mRNA, complete cds	67%	3,00E-111	82%	<i>Prunus persica</i>	O-acetylserine acetyltransferase
		<i>Ricinus communis</i> cysteine synthase, putative, mRNA	68%	2,00E-106	81%	<i>Ricinus communis</i>	cysteine synthase
81	510	<i>Solanum tuberosum</i> metacaspase-1-like, mRNA	80%	5,00E-101	80%	<i>Solanum tuberosum</i>	metacaspase-1
		<i>Solanum lycopersicum</i> metacaspase-1-like, mRNA	79%	1,00E-95	80%	<i>Solanum lycopersicum</i>	metacaspase-1

**Πίνακας 69. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
93	333	<i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> pyridoxal kinase-like (LOC101304704), mRNA <i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0017s02980g) mRNA, complete cds <i>Medicago truncatula</i> Pyridoxal kinase (MTR_5g079730) mRNA, complete cds <i>Cicer arietinum</i> pyridoxal kinase-like (LOC101490226), transcript variant X3, mRNA <i>Arabidopsis thaliana</i> Pyridoxal kinase mRNA, complete cds <i>Arabidopsis thaliana</i> chromosome 5, complete sequence <i>Vitis vinifera</i> 40S ribosomal protein S25-4-like (LOC100258834), mRNA	52% 51% 46% 46% 46% 22% 15%	2,00E-33 5,00E-29 3,00E-25 1,00E-24 1,00E-24 3,00E-12 1,00E-10	80% 78% 78% 77% 77% 83% 92%	<i>Fragaria vesca</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Medicago truncatula</i> <i>Cicer arietinum</i> <i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Vitis vinifera</i>	pyridoxal kinase  pyridoxal kinase pyridoxal kinase pyridoxal kinase pyridoxal kinase chromosome 5 40S ribosomal protein S25

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		Populus root cDNA library Populus tremula x Populus tremuloides cDNA clone, mRNA sequence	45%	2,00E-69	76%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	root
		Tomato callus, TAMU Solanum lycopersicum cDNA clone similar to laccase, putative, mRNA sequence	43%	3,00E-65	76%	<i>Solanum lycopersicum</i>	callus
		Camellia sinensis drought suppression subtractive hybridization library Camellia sinensis cDNA similar to putative laccase, mRNA sequence	42%	4,00E-64	75%	<i>Camellia sinensis</i>	drought suppression subtractive hybridization library
		<i>Lactuca sativa</i> PI251246 <i>V. dahliae</i> infected leaf <i>Lactuca sativa</i> cDNA similar to laccase family protein/diphenol oxidase family protein, mRNA sequence	34%	4,00E-64	80%	<i>Lactuca sativa</i>	<i>V. dahliae</i> infected leaf
		An expressed sequence tag database for abiotic stressed leaves of <i>Vitis vinifera</i> var. Chardonnay <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone, mRNA sequence	60%	2,00E-54	73%	<i>Vitis vinifera</i>	abiotic stressed leaves
		Populus root cDNA library Populus tremula x Populus tremuloides cDNA 5 prime, mRNA sequence	51%	1,00E-51	72%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	root
		<i>Malus x domestica</i> cDNA 5' similar to ref NP_199621.2  laccase (diphenol oxidase) family [Arabidopsis thaliana] gb AAO22735.1  putative laccase (diphenol oxidase) family protein [Arabidopsis thaliana] gb AAO50685.1  putative laccase (diphenol oxidase) family protein [Arabidopsis thaliana], mRNA seq	40%	1,00E-45	72%	<i>Malus domestica</i>	laccase (diphenol oxidase)
7	1099	<i>Phaseolus acutifolius</i> cDNA, mRNA sequence	97%	0.0	80%	<i>Phaseolus acutifolius</i>	
		Seed of Late Development Stage <i>Coffea canephora</i> cDNA clone, mRNA sequence	70%	0.0	83%	<i>Coffea canephora</i>	seed of late development stage
		<i>Panax ginseng</i> in vitro-cultured adventitious root cDNA library	64%	0.0	83%	<i>Panax ginseng</i>	<i>in vitro</i> cultured adventitious root
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H)	63%	0.0	83%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Fruits Veraison (V <sup>v</sup> S8) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone, mRNA sequence	61%	0.0	82%	<i>Vitis vinifera</i>	fruits

**Πίνακας 70.** Συνέχεια

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	58%	5,00E-153	81%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Vitis vinifera</i> cv. perlette LibD <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA seq	71%	4,00E-141	76%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Cabernet Sauvignon Flower bloom - CAB2 <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CAB20003_Ia_Fa_C09 5', mRNA sequence	71%	4,00E-129	74%	<i>Vitis vinifera</i>	flower
		CabSau Flower Stage 12 (FLOu0012) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VV111F10 5', mRNA sequence	57%	5,00E-127	78%	<i>Vitis vinifera</i>	flower
		CabSau Berry Postveraison Mixed Stages 36-38 (Brix > 15) under water deficit stress <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVL151H04 5', mRNA sequence	29%	4,00E-90	85%	<i>Vitis vinifera</i>	berry under water deficit stress
		Taraxacum kok-saghyz root cDNA library (TKN) Taraxacum kok-saghyz cDNA clone TKN012E08, mRNA sequence	43%	2,00E-76	75%	<i>Taraxacum kok-saghyz</i>	root
		Pineapple root tip cDNA library Ananas comosus cDNA clone JBW100B07 similar to unknown protein, mRNA sequence	35%	3,00E-73	77%	<i>Ananas comosus</i>	root tip
		<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i> cDNA clone WS02418_003 3', mRNA, sequence	38%	5,00E-64	75%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i>	
		Poplar SC cDNA library <i>Populus alba</i> x <i>Populus tremula</i> var. glandulosa cDNA clone PO02023C02 5', mRNA sequence	35%	2,00E-62	75%	<i>Populus alba</i> x <i>Populus tremula</i>	
		<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i> cDNA clone GQ0244_L08 5', mRNA sequence	38%	2,00E-62	74%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i>	
		Sweet orange fruit, development stadium (5 of 6) <i>Citrus sinensis</i> cDNA, mRNA sequence	68%	4,00E-59	67%	<i>Citrus sinensis</i>	fruit
		<i>Arabidopsis thaliana</i> Hormone Treated Callus Col-0 <i>Arabidopsis thaliana</i> cDNA clone GSLTPGH69ZD06 3PRIM, mRNA sequence	51%	1,00E-52	71%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	hormone treated callus
		Non-lignified secondary xylem from mature trees <i>Picea glauca</i> cDNA clone GQ0046_M23 5', mRNA sequence	57%	5,00E-45	67%	<i>Picea glauca</i>	non-lignified secondary xylem
		Cambium / phloem scrappings (Normalized library) <i>Picea glauca</i> cDNA clone GQ02801_H05 3', mRNA sequence	37%	2,00E-43	71%	<i>Picea glauca</i>	cambium / phloem scrappings



**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
31	226	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Vaccinium corymbosum cDNA, mRNA sequence	77%	3,00E-58	90%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Full-length enriched <i>Striga hermonthica</i> cDNA library <i>Striga hermonthica</i> cDNA clone SHAA-aac50a05 5', mRNA seq Cell culture from <i>Glaucium flavum</i> <i>Glaucium flavum</i> cDNA, mRNA sequence	68%	3,00E-46	87%	<i>Vaccinium corymbosum</i>	full-length enriched cDNA library
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC7487 5', mRNA sequence	79%	5,00E-43	88%	<i>Striga hermonthica</i>	cell culture
		cDNA library 1 <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA 5', mRNA sequence	68%	5,00E-43	83%	<i>Glaucium flavum</i>	roots
		Tobacco suppression subtractive hybridization cDNA library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA clone 2F-11 cDNA 5' similar to ADH-like UDP-glucose dehydrogenase, mRNA sequence	79%	5,00E-43	86%	<i>Nicotiana tabacum</i>	roots
		Tea plant roots cDNA library <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone RT5B02, mRNA sequence	79%	5,00E-43	83%	<i>Nicotiana tabacum</i>	tobacco suppression subtractive hybridization cDNA library
33	309	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence <i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA40YJ07CMI, mRNA sequence	55%	2,00E-41	91%	<i>Camellia sinensis</i>	roots
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA40YJ07CMI, mRNA sequence	100%	7,00E-151	99%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA47YE08CMI, mRNA sequence	96%	4,00E-135	94%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		<i>Antirrhinum majus</i> whole plant <i>Antirrhinum majus</i> cDNA clone 018_4_08_e20, mRNA sequence	77%	3,00E-85	90%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
36	410	<i>Olea europaea</i> flower <i>Olea europaea</i> cDNA clone c1-7-H9, mRNA sequence <i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA47YE08CMI, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	flower
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA47YE08CMI, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		<i>Antirrhinum majus</i> whole plant <i>Antirrhinum majus</i> cDNA clone 018_2_08_d03, mRNA sequence	100%	0.0	98%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
		Tomato root subtractive cDNA library for heat-shock up-regulated genes <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone LEHRU01B11, mRNA sequence	100%	0.0	94%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
						<i>Solanum lycopersicum</i>	root

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
41	373	Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA17YB10CM1, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Non inoculated root of <i>Casuarina glauca</i> <i>Casuarina glauca</i> cDNA, mRNA sequence <i>Casuarina glauca</i> Roots <i>Casuarina glauca</i> cDNA, mRNA seq <i>Hevea brasiliensis</i> YLX600 library <i>Hevea brasiliensis</i> cDNA clone Y98E09 5', mRNA sequence Up-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Down-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Full-length tissue specific <i>Eucommia</i> cDNA library (inner stem including xylem) <i>Eucommia ulmoides</i> cDNA clone RT027_B12.b, mRNA sequence <i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC9745_3', mRNA sequence Tobacco cultivar SR1 basal cell cDNA library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA, mRNA sequence <i>Solanum lycopersicum</i> cv Micro-Tom root <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone LEFL3061N18 5', mRNA sequence	80% 80% 80% 75% 75% 78% 98% 98% 72% 45% 44% 63% 33% 33%	5,00E-103 7,00E-95 7,00E-95 3,00E-93 3,00E-93 1,00E-90 0.0 0.0 4,00E-149 4,00E-86 2,00E-32 2,00E-26 2,00E-20 2,00E-13	88% 86% 86% 88% 88% 86% 99% 98% 99% 98% 77% 71% 77% 73%	<i>Fraxinus excelsior</i> <i>Olea europaea</i> <i>Olea europaea</i> <i>Casuarina glauca</i> <i>Casuarina glauca</i> <i>Hevea brasiliensis</i> <i>Olea europaea</i> <i>Olea europaea</i> <i>Olea europaea</i> <i>Olea europaea</i> <i>Olea europaea</i> <i>Eucommia ulmoides</i> <i>Mimulus guttatus</i> <i>Nicotiana tabacum</i> <i>Solanum lycopersicum</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> non inoculated root roots roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> leaves and fruits roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> one-month old cv. Koroneiki seedlings inner stem including xylem roots basal cell root

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		Eucalyptus gunnii cDNA, mRNA sequence	14%	3,00E-04	88%	<i>Eucalyptus gunnii</i>	
49	257	Normalized library Euphorbia esula cDNA clone CV03036A2C02.f2 5, mRNA sequence	14%	0.009	88%	<i>Euphorbia esu</i>	
		Glycine max callus grown in dark condition Glycine max cDNA clone CCCC5551 5, mRNA sequence	15%	0.37	85%	<i>Glycine max</i>	callus grown in dark condition
		(Oil Palm Embryogenic Callus) Elaeis guineensis cDNA clone POP-CE000676 5, mRNA sequence	22%	1.3	75%	<i>Elaeis guineensis</i>	embryogenic callus
51	299	<i>Coffea arabica</i> BP1 <i>Coffea arabica</i> cDNA clone CA00-XX-BP1-057-C10-EP, mRNA sequence	69%	1,00E-32	75%	<i>Coffea arabica</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	72%	1,00E-21	71%	<i>Olea europaea</i>	
		<i>Malus x domestica</i> cDNA similar to ref NP_567258.1  two-pore calcium channel (TPC1) [Arabidopsis thaliana] gb AAK39554.1 AF360372_1 putative calcium channel [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence	69%	2,00E-19	72%	<i>Malus domestica</i>	two-pore calcium channel
		<i>Prunus persica</i> cDNA clone S415G17, mRNA sequence	49%	2,00E-18	87%	<i>Prunus persica</i>	
		Full-length enriched poplar cDNA library, mixture of leaf, bud, stem, root <i>Populus nigra</i> cDNA, mRNA sequence	72%	8,00E-17	70%	<i>Populus nigra</i>	leaf, bud, stem, root
		<i>Eucalyptus camaldulensis</i> root <i>Eucalyptus camaldulensis</i> cDNA clone Root_003_000038B01, mRNA sequence	25%	1,00E-15	87%	<i>Eucalyptus camaldulensis</i>	root
		<i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PNI162 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	69%	2,00E-12	69%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
		<i>Phaseolus vulgaris</i> P- root EST library <i>Phaseolus vulgaris</i> cDNA 5', mRNA sequence	27%	2,00E-12	82%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	root
53	147	Foxtail millet reverse subtracted cDNA library in response to dehydration stress <i>Setaria italica</i> cDNA clone CRST0_008085 5', mRNA sequence	39%	2,00E-06	85%	<i>Setaria italica</i>	reverse subtracted cDNA library in response to dehydration stress
		<i>Eucalyptus gunnii</i> cDNA, mRNA sequence	34%	4,00E-04	84%	<i>Eucalyptus gunnii</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> cv. cabernet sauvignon Stem - CAST <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CAST0006_IIR_A08 3', mRNA sequence	26%	0.004	87%	<i>Vitis vinifera</i>	stem
		Glycine max cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID: Gm-cl1008-1554 5', mRNA sequence	34%	0.015	80%	<i>Glycine max</i>	

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		An expressed sequence tag database for abiotic stressed leaves of <i>Vitis vinifera</i> var. Chardonnay <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVB048B12.5, mRNA sequence	98%	1,00E-157	81%	<i>Vitis vinifera</i>	abiotic stressed leaves
		<i>Glycine max</i> cDNA 5', mRNA sequence	99%	3,00E-152	80%	<i>Glycine max</i>	
		Populus root cDNA library <i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i> cDNA 5 prime, mRNA sequence	96%	7,00E-148	80%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	root
		Root (free) - 3 weeks after planting <i>Gossypium hirsutum</i> cDNA, mRNA sequence	92%	4,00E-145	80%	<i>Gossypium hirsutum</i>	root
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CBPF9166.3', mRNA sequence	83%	2,00E-141	82%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Star Ruby grapefruit hot water-treated flavedo <i>Citrus x paradisi</i> cDNA clone Hw-37_C07.5', mRNA sequence	87%	3,00E-133	80%	<i>Citrus paradisi</i>	hot water-treated flavedo
71	565	LCM-dissected maize shoot apical meristem cDNA <i>Zea mays</i> cDNA, mRNA sequence	9%	1,00E-11	94%	<i>Zea mays</i>	shoot apical meristem
		<i>Triticum aestivum</i> FGAS: TaL44 <i>Triticum aestivum</i> cDNA, mRNA sequence	10%	4,00E-11	89%	<i>Triticum aestivum</i>	
		<i>Brassica napus</i> Etiolated seedlings (pSPORT1) <i>Brassica napus</i> cDNA, mRNA sequence	9%	1,00E-10	89%	<i>Brassica napus</i>	etiolated seedlings
		<i>Glycine max</i> cDNA clone SOYBEAN CLONE ID: Gm-c1036-12168.5', mRNA sequence	10%	1,00E-10	87%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Eucalyptus gunnii</i> cDNA, mRNA sequence	7%	2,00E-09	95%	<i>Eucalyptus gunnii</i>	
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	8%	2,00E-09	92%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Soybean induced by Salicylic Acid <i>Glycine max</i> cDNA 3', mRNA sequence	9%	2,00E-08	88%	<i>Glycine max</i>	salicylic acid
		Cabernet Sauvignon Leaf - CA32EN <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone CA32EN0002_IIaR_F12.3', mRNA seq	7%	2,00E-08	93%	<i>Vitis vinifera</i>	leaf
		<i>Citrus clementina</i> cDNA clone IC0AA63AH07, mRNA sequence	9%	3,00E-07	86%	<i>Citrus clementina</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> cv. perlette LibD <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA seq	9%	3,00E-06	86%	<i>Vitis vinifera</i>	

**Πίνακας 70. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεως Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		Arachis hypogaea root Arachis hypogaea cDNA clone AHCR10N18, mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Arachis hypogaea</i>	root
		Glycine max callus grown in dark condition Glycine max cDNA clone CCCC15029 3', mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Glycine max</i>	callus grown in dark condition
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC25324 3', mRNA sequence	68%	2,00E-122	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Glycine max cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID: Gm-c1014-1264 3' similar to SW:CYSK_CITVU Q43317 CYSTEINE SYNTHASE .; mRNA sequence	68%	3,00E-121	83%	<i>Glycine max</i>	
		<i>Quercus robur</i> cDNA clone WZ0AQRAR5YL13NML, mRNA sequence	68%	1,00E-120	83%	<i>Quercus robur</i>	
		In vitro Root <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone 60067 3', mRNA sequence	67%	2,00E-117	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	in vitro root
81	510	<i>Nicotiana benthamiana</i> mixed tissue cDNA library, normalized, full-length <i>Nicotiana benthamiana</i> cDNA clone NBM6491 3' end, mRNA sequence	80%	3,00E-101	80%	<i>Nicotiana benthamiana</i>	mixed tissue
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC12456 3', mRNA sequence	82%	1,00E-74	74%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		<i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVM014E15060 5' similar to emb_CAO62290.1 unnamed protein product [Vitis vinifera]. Expect = 1e-120, mRNA sequence	80%	1,00E-68	75%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Royal Gala partially senescing leaf Malus x domestica cDNA clone AARA004640, mRNA sequence	80%	1,00E-67	75%	<i>Malus domestica</i>	partially senescing leaf
		Tomato callus, TAMU <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone cLECI7D19, mRNA sequence	61%	1,00E-67	79%	<i>Solanum lycopersicum</i>	callus
		Castor bean cDNA library from roots, 1.8 kb <i>Ricinus communis</i> cDNA clone RCRA887, mRNA sequence	80%	3,00E-63	74%	<i>Ricinus communis</i>	roots
		Full-length enriched poplar cDNA library, mixture of leaf, bud, stem, root <i>Populus nigra</i> cDNA clone PnFL2-024_E02 3', mRNA sequence	78%	1,00E-54	73%	<i>Populus nigra</i>	leaf, bud, stem, root
88	742	Full-length enriched <i>Striga hermonthica</i> cDNA library <i>Striga hermonthica</i> cDNA clone SHAA-aat68f10 3', mRNA sequence	54%	1,00E-44	70%	<i>Striga hermonthica</i>	full-length enriched cDNA

**Πίνακας 70.** Συνέχεια

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
93	333	Phloem Malus x domestica cDNA clone ABMA006392, mRNA sequence Triphysaria pusilla normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Alnus glutinosa cDNA, mRNA sequence Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWCC00666, mRNA sequence Populus tremula cambium cDNA library Populus tremula cDNA 5 prime, mRNA sequence Vitis vinifera cDNA clone VVM001E08028 5' similar to gb_ABE73472.1 putative pyridoxal kinase splice variant 1 [Brassica napus]. Expect = 3e-81, mRNA sequence Grape Root Library Vitis vinifera cDNA 5', mRNA sequence Malus x domestica cDNA 5' similar to gb AAK94021.1 AF400125_2 pyridoxal kinase-like protein SOS4 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence	30%	2,00E-41	79%	<i>Malus domestica</i>	phloem
			50%	3,00E-41	83%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
			46%	1,00E-34	82%	<i>Alnus glutinosa</i>	
			47%	5,00E-33	81%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
			51%	2,00E-31	79%	<i>Populus tremula</i>	cambium
			51%	2,00E-30	78%	<i>Vitis vinifera</i>	putative pyridoxal kinase splice
			51%	2,00E-30	78%	<i>Vitis vinifera</i>	
			44%	4,00E-28	80%	<i>Malus domestica</i>	pyridoxal kinase-like protein SOS4

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
		PREDICTED: laccase-14 [Vitis vinifera]	81%	4,00E-109	67%	<i>Vitis vinifera</i>	laccase-14
		hypothetical protein PRUPE_ppa003546mg [Prunus persica]	90%	5,00E-108	66%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-15-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	91%	4,00E-106	66%	<i>Fragaria vesca</i>	laccase-15
		hypothetical protein POPTR_0011s06880g [Populus trichocarpa] >gb ERP55332.1  hypothetical protein POPTR_0011s06880g [Populus trichocarpa]	90%	3,00E-105	64%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-14-like [Solanum lycopersicum]	87%	4,00E-102	62%	<i>Solanum lycopersicum</i>	laccase-14
		hypothetical protein CICLE_v10003795mg, partial [Citrus clementina]	90%	2,00E-94	58%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: laccase-14-like [Glycine max]	91%	3,00E-84	57%	<i>Glycine max</i>	laccase-14
7	1099	conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb EHP29047.1	98%	0.0	93%	<i>Ricinus communis</i>	conserved hypothetical protein
		hypothetical protein [Nicotiana tabacum]	98%	0.0	92%	<i>Nicotiana tabacum</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein VITTSV_044152 [Vitis vinifera]	98%	0.0	92%	<i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Vitis vinifera]	98%	0.0	92%	<i>Vitis vinifera</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Solanum lycopersicum]	98%	0.0	91%	<i>Solanum lycopersicum</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		Ankyrin repeat family protein isoform 2 [Theobroma cacao]	98%	0.0	91%	<i>Theobroma cacao</i>	ankyrin repeat family protein
		predicted protein [Populus trichocarpa]	98%	0.0	89%	<i>Populus trichocarpa</i>	predicted protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa002867mg [Prunus persica]	98%	0.0	89%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: F-box/ankyrin repeat protein SKIP35-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	98%	0.0	89%	<i>Fragaria vesca</i>	F-box/ankyrin repeat protein SKIP35
		hypothetical protein CICLE_v10019310mg [Citrus clementina] >gb ESR55228.1  hypothetical protein CICLE_v10019310mg [Citrus clementina]	98%	0.0	90%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: adenine phosphoribosyltransferase I, chloroplastic isoform 1 [Vitis vinifera]	18%	2,00E-40	94%	<i>Vitis vinifera</i>	adenine phosphoribosyltransferase
		hypothetical protein CICLE_v10002024mg [Citrus clementina]	26%	3,00E-40	77%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa010396mg [Prunus persica]	18%	2,00E-39	92%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
17	1183	PREDICTED: uncharacterized protein LOC101246994 [Solanum lycopersicum]	30%	1,00E-59	73%	<i>Solanum lycopersicum</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC102589677 [Solanum tuberosum]	32%	2,00E-58	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein
		predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006389461.1  hypothetical protein POPTR_0024s00700g [Populus trichocarpa]	30%	3,00E-57	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa012688mg [Prunus persica] >gb EMJ03898.1  hypothetical protein PRUPE_ppa012688mg [Prunus persica]	30%	4,00E-57	73%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein CICLE_v10009804mg [Citrus clementina] >gb ESR64330.1  hypothetical protein CICLE_v10009804mg [Citrus clementina]	30%	4,00E-56	70%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		Uncharacterized protein TCM_037923 [Theobroma cacao]	30%	4,00E-56	69%	<i>Theobroma cacao</i>	uncharacterized protein
		conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb EEF47032.1  conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	30%	3,00E-55	70%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100261125 isoform 1 [Vitis vinifera] >ref XP_003633129.1  PREDICTED: uncharacterized protein LOC100261125 isoform 2 [Vitis vinifera]	33%	3,00E-52	64%	<i>Vitis vinifera</i>	uncharacterized protein
18	1016	PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1 [Vitis vinifera] >emb CBI39821.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	99%	1,00E-175	76%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		PREDICTED: probable RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1-like [Solanum tuberosum]	99%	3,00E-174	77%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA polymerase II transcription factor B subunit 1-1
		hypothetical protein PRUPE_ppa003591mg [Prunus persica]	94%	1,00E-137	64%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein



**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκλυαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη τήληφοφία
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Solanum lycopersicum]	99%	0.0	78%	<i>Solanum lycopersicum</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		SAC domain-containing protein 8 isoform 2 [Theobroma cacao]	99%	0.0	77%	<i>Theobroma cacao</i>	SAC domain-containing protein 8
		phosphoinositide phosphatase family protein [Populus trichocarpa] >gb EEF05351.1  phosphoinositide phosphatase family protein [Populus trichocarpa]	99%	0.0	75%	<i>Populus trichocarpa</i>	phosphoinositide phosphatase family protein
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Cucumis sativus]	99%	0.0	75%	<i>Cucumis sativus</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	99%	0.0	72%	<i>Fragaria vesca</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
		PREDICTED: phosphatidylinositide phosphatase SAC1-like isoform 1 [Glycine max]	99%	0.0	70%	<i>Glycine max</i>	phosphatidylinositide phosphatase SAC1
31	226	alcohol dehydrogenase 2 [Vitis vinifera] >gb AA601382.1 AF194174_1 alcohol dehydrogenase 2 [Vitis vinifera]	69%	1,00E-26	92%	<i>Vitis vinifera</i>	alcohol dehydrogenase
		PREDICTED: alcohol dehydrogenase 1 [Vitis vinifera] >emb CB137554.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	69%	2,00E-26	92%	<i>Vitis vinifera</i>	alcohol dehydrogenase
		ADH-like UDP-glucose dehydrogenase [Nicotiana tabacum]	69%	2,00E-26	92%	<i>Nicotiana tabacum</i>	UDP-glucose dehydrogenase
		alcohol-dehydrogenase family protein [Populus trichocarpa] >gb EEE90349.2  alcohol-dehydrogenase family protein	69%	3,00E-26	90%	<i>Populus trichocarpa</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase 2 [Solanum lycopersicum] >sp P28032.2 ADH2_SOLLC RecName: Full=Alcohol dehydrogenase 2	69%	4,00E-26	88%	<i>Solanum lycopersicum</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase [Citrus x paradisi]	69%	3,00E-25	90%	<i>Citrus paradisi</i>	alcohol dehydrogenase
		PREDICTED: alcohol dehydrogenase 1-like [Glycine max]	69%	1,00E-24	88%	<i>Glycine max</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase, partial [Pyrus communis]	69%	2,00E-24	87%	<i>Pyrus communis</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase, partial [Malus rockii]	69%	4,00E-24	85%	<i>Malus rockii</i>	alcohol dehydrogenase
		alcohol dehydrogenase [Prunus dulcis x Prunus persica]	66%	4,00E-24	90%	<i>Prunus dulcis</i> x <i>Prunus persica</i>	alcohol dehydrogenase

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
41	373	PREDICTED: pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase PRP16-like [Solanum tuberosum] translationally controlled tumor protein [Hevea brasiliensis] >gb AFM77714.1  TCTP.1 [Hevea brasiliensis] unnamed protein product [Vitis vinifera] hypothetical protein CICLE_v10006071mg [Citrus clementina] predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006380144.1  translationally controlled tumor-like family protein [Populus trichocarpa] >gb ERP57941.1  translationally controlled tumor-like family protein [Populus trichocarpa] translationally-controlled tumor protein homolog [Solanum lycopersicum] >sp Q6DUX3.1 TCTP_SOLL_C RecName: Full=Translationally-controlled tumor protein homolog; Short=TCCTP translationally-controlled tumor protein homolog [Glycine max] >sp Q944T2.1 TCTP_SOYBN RecName: Full=Translationally-controlled tumor protein homolog; Short=TCCTP predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006382473.1  callus protein P23 [Populus trichocarpa] hypothetical protein PRUPE_ppa009639mg [Prunus persica] PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Cucumis sativus] PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Vitis vinifera] Lipase/lipoxygenase [Theobroma cacao] hypothetical protein POPTR_0003s10630g [Populus trichocarpa] >gb EEE78467.2  hypothetical protein POPTR_0003s10630g [Populus trichocarpa] PREDICTED: uncharacterized protein LOC102590809 [Solanum tuberosum]	84%	2,00E-09	75%	<i>Solanum tuberosum</i>	pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase
			74%	2,00E-39	95%	<i>Hevea brasiliensis</i>	translationally controlled tumor protein
			74%	5,00E-39	94%	<i>Vitis vinifera</i>	unnamed protein product
			74%	2,00E-38	94%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
			74%	2,00E-38	92%	<i>Populus trichocarpa</i>	translationally controlled tumor protein
			74%	3,00E-38	92%	<i>Solanum lycopersicum</i>	translationally controlled tumor protein
			74%	2,00E-37	94%	<i>Glycine max</i>	translationally controlled tumor protein
			74%	3,00E-36	88%	<i>Populus trichocarpa</i>	callus protein
			76%	1,00E-35	89%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
43	418	PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Cucumis sativus] PREDICTED: lipoxigenase homology domain-containing protein 1-like [Vitis vinifera] Lipase/lipoxygenase [Theobroma cacao] hypothetical protein POPTR_0003s10630g [Populus trichocarpa] >gb EEE78467.2  hypothetical protein POPTR_0003s10630g [Populus trichocarpa] PREDICTED: uncharacterized protein LOC102590809 [Solanum tuberosum]	45%	3,00E-32	78%	<i>Cucumis sativus</i>	lipoxigenase
			61%	4,00E-32	65%	<i>Vitis vinifera</i>	lipoxigenase
			55%	3,00E-31	63%	<i>Theobroma cacao</i>	lipase/lipoxygenase
			53%	4,00E-30	63%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
			61%	1,00E-29	62%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		calcium channel I family protein [Populus trichocarpa] >gb ERP54287.1  calcium channel I family protein [Populus trichocarpa]	70%	1,00E-12	53%	<i>Populus trichocarpa</i>	calcium channel protein
		hypothetical protein CICLE_v10014388mg [Citrus Clementina]	69%	3,00E-11	52%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa001980mg [Prunus persica]	65%	2,00E-08	49%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		Two-pore channel 1 [Theobroma cacao]	67%	5,00E-07	48%	<i>Theobroma cacao</i>	two-pore channel
		two pore channel 1 [Vitis vinifera] >gb ACH53197.1  two pore channel 1 [Vitis vinifera]	62%	2,00E-05	47%	<i>Vitis vinifera</i>	two-pore channel
53	147	No significant similarity found					
65	594	PREDICTED: bark storage protein A-like [Vitis vinifera] predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006381729.1  nucleosidase-related family protein [Populus trichocarpa] PREDICTED: bark storage protein A-like [Cucumis sativus] >ref XP_004171263.1  PREDICTED: bark storage protein A-like [Cucumis sativus]	100%	1,00E-103	73%	<i>Vitis vinifera</i>	bark storage protein
		putative bark storage protein [Olea europaea]	100%	5,00E-103	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	nucleosidase-related family protein
		phosphorylase superfamily protein [Arabidopsis thaliana] >gb AEE85565.1  phosphorylase superfamily protein [Arabidopsis thaliana]	100%	2,00E-102	69%	<i>Cucumis sativus</i>	bark storage protein
		PREDICTED: bark storage protein A-like isoform X1 [Solanum tuberosum]	100%	2,00E-99	68%	<i>Theobroma cacao</i>	phosphorylase superfamily protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa023740mg, partial [Prunus persica]	71%	2,00E-98	68%	<i>Theobroma cacao</i>	phosphorylase superfamily protein
		phosphorylase superfamily protein [Arabidopsis thaliana] >gb AEE85565.1  phosphorylase superfamily protein [Arabidopsis thaliana]	100%	2,00E-86	63%	<i>Olea europaea</i>	bark storage protein
		PREDICTED: bark storage protein A-like isoform X1 [Solanum tuberosum]	100%	3,00E-85	58%	<i>Solanum thaliana</i>	phosphorylase superfamily protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa023740mg, partial [Prunus persica]	100%	3,00E-83	59%	<i>Solanum tuberosum</i>	bark storage protein
66	688	PREDICTED: probable 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic-like [Solanum lycopersicum] PREDICTED: probable 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic-like [Fragaria vesca subsp. vesca] hypothetical protein PRUPE_ppa008941mg [Prunus persica]	35%	5,00E-26	78%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
			34%	3,00E-83	58%	<i>Solanum tuberosum</i>	bark storage protein
			34%	1,00E-21	67%	<i>Fragaria vesca</i>	probable 6-phosphogluconolactonase
			34%	5,00E-21	70%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
73	830	<p>uncharacterized protein LOC100527721 [Glycine max] &gt;</p> <p>PREDICTED: uncharacterized protein LOC10077261 [Glycine max]</p> <p>hypothetical protein PHAVU_005G087200g [Phaseolus vulgaris]</p> <p>2-nonaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase [Theobroma cacao]</p> <p>PREDICTED: uncharacterized protein LOC544070 [Solanum lycopersicum]</p> <p>hypothetical protein POPTR_0019s14030g [Populus trichocarpa]</p> <p>putative wound-induced protein [Prunus dulcis]</p> <p>hypothetical protein PRUPE_ppa014055mg [Prunus persica]</p> <p>PREDICTED: uncharacterized protein LOC100257932 [Vitis vinifera]</p> <p>Wound-responsive family protein [Theobroma cacao]</p>	51%	0.005	39%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
			33%	3,00E-29	62%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
			33%	2,00E-27	62%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	hypothetical protein
			33%	1,00E-25	52%	<i>Theobroma cacao</i>	2-nonaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase
			32%	1,00E-25	59%	<i>Solanum lycopersicum</i>	uncharacterized protein
			32%	1,00E-24	57%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
			34%	2,00E-24	58%	<i>Prunus dulcis</i>	wound-induced protein
			33%	2,00E-24	59%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
			32%	2,00E-23	55%	<i>Vitis vinifera</i>	uncharacterized protein
			32%	2,00E-21	53%	<i>Theobroma cacao</i>	wound-responsive family protein
78	610	<p>O-acetylserine(thiol)-lyase [Sesamum indicum]</p> <p>hypothetical protein PRUPE_ppa008606mg [Prunus persica]</p> <p>cysteine synthase [Glycine max]</p> <p>O-acetylserine (thiol)lyase family protein [Populus trichocarpa]</p> <p>cysteine synthase, putative [Ricinus communis]</p> <p>PREDICTED: cysteine synthase-like [Fragaria vesca subsp. vesca]</p> <p>PREDICTED: cysteine synthase-like [Solanum lycopersicum]</p> <p>O-acetylserine (thiol) lyase (OAS-TL) isoform A2 [Arabidopsis thaliana] &gt;dbj BAB01461.1  cysteine synthase</p>	64%	3,00E-68	92%	<i>Sesamum indicum</i>	O-acetylserine(thiol)-lyase
			64%	5,00E-68	92%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
			64%	2,00E-67	89%	<i>Glycine max</i>	cysteine synthase
			64%	2,00E-66	85%	<i>Populus trichocarpa</i>	O-acetylserine(thiol)-lyase
			64%	2,00E-66	89%	<i>Ricinus communis</i>	cysteine synthase
			64%	2,00E-66	89%	<i>Fragaria vesca</i>	cysteine synthase
			64%	3,00E-65	84%	<i>Solanum lycopersicum</i>	cysteine synthase
			65%	2,00E-63	78%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	O-acetylserine (thiol) lyase

**Πίνακας 71. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100798081 [Glycine max]	88%	5,00E-82	70%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		myb family transcription factor family protein [Populus trichocarpa]	87%	3,00E-77	71%	<i>Populus trichocarpa</i>	myb family transcription factor
		hypothetical protein CICLE_v10001292mg [Citrus clementina]	85%	2,00E-75	73%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: probable transcription factor KAN2-like [Solanum lycopersicum]	84%	2,00E-75	69%	<i>Solanum lycopersicum</i>	transcription factor KAN2
		hypothetical protein PRUPE_ppa006472mg [Prunus persica]	87%	2,00E-63	58%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: probable transcription factor KAN2-like [Cucumis sativus]	84%	1,00E-49	57%	<i>Cucumis sativus</i>	transcription factor KAN2
93	333	hypothetical protein CARUB_v10005125mg [Capsella rubella]	74%	5,00E-26	64%	<i>Capsella rubella</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein POPTR_0017s02980g [Populus trichocarpa]	63%	2,00E-24	76%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: pyridoxal kinase-like isoform X2 [Cicer arietinum]	75%	3,00E-24	62%	<i>Cicer arietinum</i>	pyridoxal kinase
		PREDICTED: pyridoxal kinase-like [Solanum lycopersicum]	52%	3,00E-24	83%	<i>Solanum lycopersicum</i>	pyridoxal kinase
		PREDICTED: pyridoxal kinase-like [Vitis vinifera]	45%	5,00E-24	92%	<i>Vitis vinifera</i>	pyridoxal kinase
		PKB-like carbohydrate kinase family protein isoform 2 [Theobroma cacao]	46%	5,00E-24	90%	<i>Theobroma cacao</i>	carbohydrate kinase family protein
		hypothetical protein CICLE_v10012086mg [Citrus clementina]	52%	2,00E-22	84%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa008165mg [Prunus persica]	43%	2,00E-22	94%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Glycine max NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase-like (LOC100806500), mRNA	66%	2,00E-122	71%	<i>Glycine max</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		Cucumis sativus NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase-like (LOC101214993), mRNA	67%	2,00E-117	71%	<i>Cucumis sativus</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		Malus domestica S6PDH mRNA for NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase, complete cds	57%	5,00E-99	71%	<i>Malus domestica</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		Pyrus communis Pc-S6PDH mRNA for NADP dependent sorbitol-6-phosphate dehydrogenase, partial cds	26%	1,00E-37	71%	<i>Pyrus communis</i>	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		Pyrus communis strain Heinz 1706 chromosome 1 clone hba-128j14 map 1, complete sequence	68%	2,00E-35	76%	<i>Pyrus communis</i>	chromosome 1
100	1097	Olea europaea putative glucosyltransferase mRNA, partial cds	37%	0.0	99%	<i>Olea europaea</i>	glucosyltransferase
		Solanum tuberosum anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase 1-like (LOC102585382), mRNA	92%	4,00E-99	68%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase 1
		Solanum lycopersicum UDP-glucosyltransferase 75C1-like (LOC101250450), mRNA	92%	2,00E-97	68%	<i>Solanum lycopersicum</i>	UDP-glucosyltransferase 75C1
		Vitis vinifera UDP-glucosyltransferase 75D1-like (LOC100258380), mRNA	78%	4,00E-62	68%	<i>Vitis vinifera</i>	UDP-glucosyltransferase 75D1
		Gardenia jasminoides GJUGT14 mRNA for UDP-glucose crocetin glucosyltransferase, complete cds	64%	4,00E-61	68%	<i>Gardenia jasminoides</i>	UDP-glucose crocetin glucosyltransferase
		Populus trichocarpa INDOLE-3-ACETATE BETA-D-GLUCOSYLTRANSFERASE family protein (POPTR_0002s23760g) mRNA, complete cds	53%	2,00E-40	67%	<i>Populus trichocarpa</i>	indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase family protein
		Pyrus communis UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase mRNA, complete cds	54%	2,00E-14	64%	<i>Pyrus communis</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
		Malus domestica UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase mRNA, complete cds	54%	2,00E-14	64%	<i>Malus domestica</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
101	1473	Solanum peruvianum isolate PI 126926 plant 2 pelota mRNA, complete cds	77%	0.0	83%	<i>Solanum peruvianum</i>	pelota

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		Vitis vinifera regulator of nonsense transcripts UPF3-like (LOC101497081), transcript variant X8, mRNA	32%	2,00E-45	77%	<i>Vitis vinifera</i>	regulator of nonsense transcripts
		Solanum lycopersicum strain Heinz 1706 chromosome 1 clone sle-24o24 map 1, complete sequence	78%	3,00E-43	72%	<i>Solanum lycopersicum</i>	chromosome 1
		Ricinus communis phosphoribosylamine-glycine ligase, mRNA	30%	4,00E-04	63%	<i>Ricinus communis</i>	Phosphoribosylamine-glycine ligase
109	1158	Solanum lycopersicum putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC101251966), mRNA	82%	1,00E-170	74%	<i>Solanum lycopersicum</i>	DNA repair protein RAD23
		Solanum tuberosum ubiquitin receptor RAD23b-like (LOC102593740), mRNA	80%	4,00E-169	74%	<i>Solanum tuberosum</i>	ubiquitin receptor RAD23
		Vitis vinifera putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC100267246), mRNA	67%	1,00E-157	77%	<i>Vitis vinifera</i>	DNA repair protein RAD23
		Cucumis sativus putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC101221403), partial mRNA	81%	1,00E-137	72%	<i>Cucumis sativus</i>	DNA repair protein RAD23
		Glycine max putative DNA repair protein RAD23-1-like (LOC100819019), mRNA	69%	1,00E-131	75%	<i>Glycine max</i>	DNA repair protein RAD23
		Arabidopsis thaliana putative DNA repair protein RAD23 (At1g79650), mRNA, complete cds	59%	1,00E-100	72%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	DNA repair protein RAD23
		Ricinus communis uv excision repair protein rad23, putative, mRNA	45%	1,00E-42	70%	<i>Ricinus communis</i>	uv excision repair protein rad23
110	1071	Solanum lycopersicum tetraspanin-19-like, transcript variant 3 (LOC101262238), mRNA	63%	1,00E-125	75%	<i>Solanum lycopersicum</i>	tetraspanin-19
		Populus trichocarpa GMFPP4 family protein (POPTR_0003s08610g), mRNA, complete cds	64%	2,00E-102	73%	<i>Populus trichocarpa</i>	GMFPP4 family protein
		Vitis vinifera uncharacterized LOC100245417 (LOC100245417), mRNA	62%	1,00E-99	73%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Cicer arietinum tetraspanin-20-like (LOC101499327), transcript variant X3, mRNA	59%	3,00E-82	71%	<i>Cicer arietinum</i>	tetraspanin-20
		Fragaria vesca subsp. vesca tetraspanin-18-like (LOC101293885), mRNA	55%	1,00E-67	70%	<i>Fragaria vesca</i>	tetraspanin-18
		Vitis vinifera UDP-glycosyltransferase 79B6-like (LOC100250250), mRNA	29%	2,00E-51	75%	<i>Vitis vinifera</i>	UDP-glycosyltransferase

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
125	1010	<i>Ipomoea nil</i> mRNA for mitochondrial F1-ATPase gamma subunit, complete cds <i>Ricinus communis</i> ATP synthase F1, gamma subunit, putative, mRNA <i>Solanum lycopersicum</i> ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like (LOC101260525), mRNA <i>Vitis vinifera</i> ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like (LOC100246670), mRNA <i>Populus trichocarpa</i> ATP synthase gamma chain family protein (POPTR_0015s06860g) mRNA, complete cds <i>Fragaria vesca</i> subsp. <i>vesca</i> ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like (LOC101313020), mRNA <i>Arabidopsis thaliana</i> mRNA for mitochondrial F1-ATPase, gamma subunit, complete cds, clone: RAFL06-12-H10 <i>Solanum lycopersicum</i> chromosome 12 clone LE_HBa-12E19, complete sequence <i>Solanum tuberosum</i> protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1-like (LOC102597810), mRNA	54% 55% 54% 54% 55% 54% 54% 20% 20%	2,00E-147 5,00E-142 3,00E-139 3,00E-139 2,00E-122 1,00E-112 2,00E-76 2,00E-23 1,00E-21	81% 81% 80% 80% 78% 77% 72% 81% 80%	<i>Ipomoea nil</i> <i>Ricinus communis</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Solanum lycopersicum</i> <i>Solanum tuberosum</i>	mitochondrial F1-ATPase gamma subunit ATP synthase F1, gamma subunit ATP synthase subunit gamma, mitochondrial ATP synthase subunit gamma, mitochondrial ATP synthase gamma chain family protein ATP synthase subunit gamma, mitochondrial ATP synthase subunit gamma, mitochondrial chromosome 12 protein brassinazole-resistant
126	601	<i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0005s12790g) mRNA, complete cds <i>Ricinus communis</i> BRASSINAZOLE-RESISTANT 1 protein, putative, mRNA <i>Vitis vinifera</i> protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1-like (LOC100262472), mRNA <i>Arabidopsis thaliana</i> protein brassinazole-resistant 2 mRNA, complete cds <i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0018s10010g) mRNA, complete cds	14% 12% 12%	5,00E-19 3,00E-16 3,00E-15	87% 88% 86%	<i>Populus trichocarpa</i> <i>Ricinus communis</i> <i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein protein brassinazole-resistant protein brassinazole-resistant
127	1100	<i>Arabidopsis thaliana</i> protein brassinazole-resistant 2 mRNA, complete cds <i>Populus trichocarpa</i> hypothetical protein (POPTR_0018s10010g) mRNA, complete cds <i>Vitis vinifera</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC100253661), mRNA <i>Solanum tuberosum</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC102592045), transcript variant XI, mRNA	12% 35% 36%	2,00E-12 3,00E-63 3,00E-56	84% 74% 73%	<i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Vitis vinifera</i>	protein brassinazole-resistant hypothetical protein pentatricopeptide repeat-containing protein pentatricopeptide repeat-containing protein
		<i>Solanum tuberosum</i> pentatricopeptide repeat-containing protein At1g59720, mitochondrial-like (LOC102592045), transcript variant XI, mRNA	36%	3,00E-51	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	pentatricopeptide repeat-containing protein



**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίκιος	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσης Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		Solanum lycopersicum ribosomal protein L3 (RPL3), mRNA >gb AY45641.1  Lycopersicon esculentum ribosomal protein L3 (RPL3) mRNA, complete cds	96%	0.0	85%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ribosomal protein L3
		Populus trichocarpa ribosomal protein 1 (POPTR_0002s06680g) mRNA, complete cds	94%	0.0	85%	<i>Populus trichocarpa</i>	ribosomal protein 1
		Ricinus communis 60S ribosomal protein L3, putative, mRNA	91%	0.0	84%	<i>Ricinus communis</i>	60S ribosomal protein L3
		Fragaria vesca subsp. vesca 60S ribosomal protein L3-like (LOC101290972), mRNA	94%	0.0	83%	<i>Fragaria vesca</i>	60S ribosomal protein L3
		Vitis vinifera 60S ribosomal protein L3-like (LOC100260533), mRNA	94%	0.0	83%	<i>Vitis vinifera</i>	60S ribosomal protein L3
		Prunus dulcis clone Pdbsc-E64 putative 60S ribosomal protein L3 mRNA, partial cds	88%	0.0	84%	<i>Prunus dulcis</i>	60S ribosomal protein L3
		Arabidopsis thaliana 60S ribosomal protein L3-1 mRNA, complete cds	94%	0.0	82%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L3-1
138	405	Solanum tuberosum inorganic phosphate transporter 1-4-like (LOC102589908), mRNA	95%	2,00E-86	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	inorganic phosphate transporter 1-4
		Lycopersicon esculentum mRNA for phosphate transporter, LePT1	95%	1,00E-81	79%	<i>Lycopersicon esculentum</i>	phosphate transporter
		Nicotiana tabacum inorganic phosphate transporter (PT1) mRNA, complete cds	96%	1,00E-75	76%	<i>Nicotiana tabacum</i>	inorganic phosphate transporter
		Medicago truncatula Inorganic phosphate transporter 1-1 (MTR_1g043220) mRNA, complete cds	83%	5,00E-68	78%	<i>Medicago truncatula</i>	inorganic phosphate transporter 1-1
		Populus trichocarpa inorganic phosphate transporter family protein (POPTR_0001s32590g) mRNA, complete cds	83%	2,00E-65	77%	<i>Populus trichocarpa</i>	inorganic phosphate transporter
		Vitis vinifera probable inorganic phosphate transporter 1-7-like (LOC100257925), mRNA	83%	4,00E-63	76%	<i>Vitis vinifera</i>	inorganic phosphate transporter 1-7
		Glycine max probable inorganic phosphate transporter 1-7-like (LOC100795623), mRNA	76%	4,00E-63	78%	<i>Glycine max</i>	inorganic phosphate transporter 1-7
		Ricinus communis inorganic phosphate transporter, putative, mRNA	82%	1,00E-57	76%	<i>Ricinus communis</i>	inorganic phosphate transporter
139	225	Hevea brasiliensis 40S ribosomal protein S15D (RPS15D) mRNA, complete cds	66%	1,00E-46	89%	<i>Hevea brasiliensis</i>	40S ribosomal protein S15D

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
148	359	Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0004s08410g) mRNA, complete cds Fragaria vesca subsp. vesca 60S ribosomal export protein NMD3-like (LOC101293341), mRNA Solanum tuberosum cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl-like (LOC102598408), mRNA Fragaria vesca cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl-like (LOC101769593), mRNA Populus trichocarpa iron hydrogenase family protein (POPTR_0006s01800g) mRNA, complete cds Cucumis sativus cytosolic Fe-S cluster assembly factor NARFL-like (LOC101216310), mRNA	44% 42% 42% 40% 40% 40%	1,00E-30 2,00E-28 3,00E-31 3,00E-26 3,00E-25 2,00E-21	81% 80% 81% 79% 78% 77%	<i>Populus trichocarpa</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Cucumis sativus</i>	hypothetical protein 60S ribosomal export protein cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl iron hydrogenase cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl
151	195	Nicotiana tabacum AER mRNA, complete cds Vaccinium dunalianum anthocyanin 5-aromatic acyltransferase (AT3) mRNA, complete cds Solanum tuberosum BAHF acyltransferase DCR-like (LOC102605267), mRNA Populus trichocarpa transferase family protein (POPTR_0016s11990g) mRNA, complete cds Cucumis sativus BAHF acyltransferase DCR-like (LOC101231447), mRNA	97% 97% 98% 54% 65%	5,00E-19 2,00E-17 3,00E-16 4,00E-14 4,00E-07	71% 73% 70% 77% 70%	<i>Nicotiana tabacum</i> <i>Vaccinium dunalianum</i> <i>Solanum tuberosum</i> <i>Populus trichocarpa</i> <i>Cucumis sativus</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase acyltransferase transferase acyltransferase
155	418	Genomic sequence for Arabidopsis thaliana BAC F2119 from chromosome I, complete sequence Glycine max T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC100817323), mRNA Fragaria vesca subsp. vesca T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC101301681), mRNA Vitis vinifera T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC100255682), mRNA Solanum tuberosum T-complex protein 1 subunit epsilon-like (LOC102598571), mRNA	48% 48% 46% 47% 50%	2,00E-46 3,00E-45 4,00E-43 4,00E-43 2,00E-42	81% 81% 81% 80% 79%	<i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Glycine max</i> <i>Fragaria vesca</i> <i>Vitis vinifera</i> <i>Solanum tuberosum</i>	chromosome I T-complex protein 1 subunit epsilon T-complex protein 1 subunit epsilon T-complex protein 1 subunit epsilon T-complex protein 1 subunit epsilon

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσης Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορία
		Solanum tuberosum calcium-binding allergen Ole e 8-like (LOC102599328), mRNA	51%	3,00E-37	69%	<i>Solanum tuberosum</i>	calcium-binding allergen
		Solanum lycopersicum calcium-binding allergen Ole e 8-like (LOC101259138), mRNA	51%	3,00E-37	69%	<i>Solanum lycopersicum</i>	calcium-binding allergen
		Vitis vinifera calcium-binding allergen Ole e 8-like (LOC100253496), mRNA	51%	2,00E-19	66%	<i>Vitis vinifera</i>	calcium-binding allergen
		Arabidopsis thaliana putative calcium-binding protein CML26 mRNA, complete cds	21%	4,00E-16	72%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	calcium-binding protein
		Glycine max calcium-binding allergen Ole e 8-like (LOC100815264), mRNA	48%	2,00E-12	65%	<i>Glycine max</i>	calcium-binding allergen
		Cicer arietinum probable calcium-binding protein CML27-like (LOC101489420), mRNA	24%	1,00E-10	68%	<i>Cicer arietinum</i>	calcium-binding protein
		Populus trichocarpa calmodulin-like protein 6a (POPTR_0009s02660g), mRNA, complete cds	8%	3,00E-05	80%	<i>Populus trichocarpa</i>	calmodulin protein
174	740	Vitis vinifera ripening-related protein-like (GRIP68), mRNA >embIAJ237987.1  Vitis vinifera mRNA for putative ripening-related protein (grip68 gene)	8%	0.004	77%	<i>Vitis vinifera</i>	ripening-related protein
		Pyrus pyrifolia expansin 3 mRNA, complete cds	7%	0.043	79%	<i>Pyrus pyrifolia</i>	expansin 3
		Populus EST from mild drought-stressed leaves	7%	0.043	79%	<i>Populus</i>	mild drought-stressed leaves
		Oncidium Gower Ramsey chalcone synthase (CHS1) gene, complete cds	7%	0.043	79%	<i>Oncidium Gower Ramsey</i>	chalcone synthase
177	690	Solanum tuberosum uncharacterized LOC102599997 (LOC102599997), transcript variant X2, mRNA	40%	1,00E-26	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	transcript variant X2
		Solanum lycopersicum uncharacterized LOC101255844 (LOC101255844), mRNA	46%	3,00E-17	71%	<i>Solanum lycopersicum</i>	
		Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0021s00760g) mRNA, complete cds	18%	4,00E-08	71%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		Populus EST from mild drought-stressed leaves	18%	2,00E-06	71%	<i>Populus</i>	mild drought-stressed leaves
178	858	Perilla frutescens phenylalanine ammonia-lyase (PAL) mRNA, complete cds	82%	0.0	80%	<i>Perilla frutescens</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		Lithospermum erythrorhizon mRNA for phenylalanine ammonia-lyase, complete cds	84%	5,00E-173	79%	<i>Lithospermum erythrorhizon</i>	phenylalanine ammonia-lyase

**Πίνακας 72. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLASTn	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Lamium purpureum quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase (3MaT1) mRNA, complete cds	29%	6,00E-11	71%	<i>Lamium purpureum</i>	quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
		Perilla frutescens mRNA for anthocyanin acyltransferase, partial cds	40%	4,00E-06	68%	<i>Perilla frutescens</i>	anthocyanin acyltransferase
		Solanum tuberosum anthocyanin 5-aromatic acyltransferase-like (LOC102603382), mRNA	29%	5,00E-05	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
		Ricinus communis Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, putative, mRNA	12%	7,00E-04	79%	<i>Ricinus communis</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
		Vitis vinifera malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase-like (LOC100256273), mRNA	43%	0.002	67%	<i>Vitis vinifera</i>	malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
189	918	Catharanthus roseus cyc07 mRNA, complete cds	68%	0.0	83%	<i>Catharanthus roseus</i>	
		Striga asiatica isolate St513 S phase protein mRNA, partial cds	62%	0.0	85%	<i>Striga asiatica</i>	phase protein
		Solanum tuberosum clone 135C12 40S ribosomal protein S3a-like protein mRNA, complete cds	67%	1,00E-169	82%	<i>Solanum tuberosum</i>	ribosomal protein S3a
		Ricinus communis 40S ribosomal protein S3a, putative, mRNA	65%	2,00E-153	80%	<i>Ricinus communis</i>	ribosomal protein S3a
		Populus trichocarpa hypothetical protein (POPTR_0008s15610g) mRNA, complete cds	65%	1,00E-150	80%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		Medicago truncatula 40S ribosomal protein S3a-like protein (MTR_5g006440) mRNA, complete cds	67%	3,00E-150	79%	<i>Medicago truncatula</i>	40S ribosomal protein S3a
		Glycine max 40S ribosomal protein S3a-like (LOC100805519), mRNA	67%	2,00E-147	79%	<i>Glycine max</i>	40S ribosomal protein S3a
		Vitis vinifera cultivar Riesling cyc07 mRNA, partial cds	67%	1,00E-131	77%	<i>Vitis vinifera</i>	
		Arabidopsis thaliana 40S ribosomal protein S3a-2 mRNA, complete cds	65%	1,00E-117	76%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	40S ribosomal protein S3a
190	651	Solanum tuberosum RNA-binding protein NOB1-like (LOC102598034), mRNA	80%	2,00E-101	76%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA-binding protein NOB1
		Cucumis sativus RNA-binding protein NOB1-like (LOC101226071), mRNA	62%	5,00E-70	75%	<i>Cucumis sativus</i>	RNA-binding protein NOB1
		Ricinus communis RNA-binding protein nob1, putative, mRNA	77%	3,00E-67	72%	<i>Ricinus communis</i>	RNA-binding protein NOB1

**Πίνακας 73.** Σύγκριση των αλληλοφυγιών που εκφράζονται στην ποικιλία ‘Καλαμών’ με αλληλοφυγίες καταρτισμένες στις διεθνείς βάσεις δεδομένων των φυτών για τα νουκλεοτιδία (BLAST-EST).

Αρ. αρουκίας	Μήκος αλληλοφυγίας (bp)	Αλληλοφυγίες της Γράσεως Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλοφυγίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
98	990	Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA51YC11CM1, mRNA sequence Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWCC01092, mRNA sequence Cab Sauv flower, leaf and root non-normalized (WIN02) Vitis vinifera cDNA clone WIN0210_105 3', mRNA sequence	52%	0.0	97%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Actinidia chinensis - active meristems Actinidia chinensis cDNA clone KAWCC01092, mRNA sequence	65%	0.0	84%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		Cab Sauv flower, leaf and root non-normalized (WIN02) Vitis vinifera cDNA clone WIN0210_105 3', mRNA sequence	66%	0.0	83%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
		Populus trichocarpa x Populus nigra cDNA clone W502033_E02 3', mRNA sequence	70%	0.0	82%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus nigra</i>	
		Quercus petraea cDNA clone WZ0AQPAE2YH03FMI, mRNA sequence	70%	0.0	81%	<i>Quercus petraea</i>	
		Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCGC7491 3', mRNA sequence	71%	0.0	81%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		Dormant kiwifruit buds three days after hydrogen cyanamide treatment Actinidia deltoidea cDNA clone KALAA01052, mRNA sequence	62%	0.0	84%	<i>Actinidia deltoidea</i>	dormant buds three days after hydrogen cyanamide treatment
		Poncirus trifoliata Roots with Iron Deficiency - UCRPT02-UCRI Citrus trifoliata cDNA clone UCRPT02-72B12-C23-6-g, mRNA sequence	68%	0.0	81%	<i>Poncirus trifoliata</i>	roots with iron deficiency
99	1326	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA13Y119CM1, mRNA sequence	65%	0.0	95%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA13Y119CM1, mRNA sequence	47%	0.0	92%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
100	1097	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA39Y121CM1, mRNA sequence	81%	0.0	94%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA39Y121CM1, mRNA sequence	25%	2,00E-89	87%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Tomato callus, TAMU Solanum lycopersicum cDNA clone cLEC11D5 similar to UDP-glucose:anthocyanin 5-O-glucosyltransferase, putative, mRNA sequence	54%	2,00E-76	71%	<i>Solanum lycopersicum</i>	callus
		Vitis vinifera cDNA clone S2B20163, mRNA sequence	59%	5,00E-52	69%	<i>Vitis vinifera</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Populus trichocarpa x Populus deltoides cDNA clone WS02419_P01 5', mRNA sequence	45%	5,00E-109	77%	<i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i>	
		Normalized cDNA library of roots from <i>Petunia x hybrida</i> , Mitchell diploid (W115) <i>Petunia x hybrida</i> cDNA clone dr001P0014G08_F.ab1 2007-08-10, mRNA sequence	55%	5,00E-103	74%	<i>Petunia hybrida</i>	roots
		<i>Malus x domestica</i> cDNA clone Mdfw2024I20 5' similar to SW:Y15E_ARATH O82314 HYPOTHETICAL 37.8 KDA PROTEIN F17H15.14. ;, mRNA sequence	28%	2,00E-69	78%	<i>Malus domestica</i>	
		Two-month-old roots from clone 'Beaupre' <i>Populus trichocarpa</i> x <i>Populus deltoides</i> cDNA 5', mRNA sequence	28%	1,00E-66	77%	<i>Populus trichocarpa</i>	two-month-old roots
		Root <i>Arachis ipaensis</i> cDNA 5', mRNA sequence	27%	2,00E-64	77%	<i>Arachis ipaensis</i>	root
107	1288	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	26%	2,00E-39	77%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEEAA31YN24CM1, mRNA sequence	8%	2,00E-18	81%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	16%	4,00E-16	70%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		Soybean induced by Salicylic Acid <i>Glycine max</i> cDNA 3', mRNA sequence	2%	0.59	91%	<i>Glycine max</i>	salicylic acid
108	1029	Normalized library <i>Manihot esculenta</i> cDNA clone CV01021B1E06.f1, mRNA sequence	58%	4,00E-129	78%	<i>Manihot esculenta</i>	
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	35%	3,00E-111	85%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	38%	2,00E-95	81%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		<i>Citrus clementina</i> cDNA clone IC0AA22BA04, mRNA seq	38%	5,00E-89	79%	<i>Citrus clementina</i>	
		<i>Actinidia chinensis</i> - active meristems <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAWCC01885, mRNA sequence	38%	1,00E-83	78%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		<i>Populus fremontii</i> x <i>Populus angustifolia</i> cDNA, mRNA seq	26%	1,00E-78	84%	<i>Populus fremontii</i> x <i>Populus angustifolia</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αρκούκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δια ή άλλη πληροφορίες
		Type I trichomes <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA, mRNA sequence	63%	2,00E-125	75%	<i>Solanum lycopersicum</i>	type I trichomes
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	61%	3,00E-123	75%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Actinidia chinensis</i> - active meristems <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAWBB00166, mRNA sequence	54%	3,00E-117	76%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		Tomato shoot/meristem <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone cTOF26G8 5' sequence, mRNA sequence	55%	2,00E-112	75%	<i>Solanum lycopersicum</i>	shoot/meristem
		Tender roots cDNA library of tea plant <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone 07102311-CHAG_25_55.M13+_G07.ab1, mRNA sequence	63%	1,00E-104	73%	<i>Camellia sinensis</i>	tender roots
		Tomato root during/after fruit set, Cornell University <i>Solanum lycopersicum</i> cDNA clone dL EX14C3 5', mRNA sequence	49%	1,00E-104	76%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root during/after fruit set
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC5088 5', mRNA sequence	43%	5,00E-96	77%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
118	1120	cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	57%	0.0	93%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEAAS0YJ02CMI, mRNA sequence	48%	0.0	90%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		Cab Sauv flower, leaf and root normalized (WIN05) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone WIN0528_H21 3', mRNA sequence	62%	5,00E-121	74%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
		<i>Actinidia chinensis</i> - active meristems <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAWCC01081, mRNA sequence	38%	2,00E-102	80%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems
		<i>Quercus petraea</i> cDNA clone WZ0AQPAl6YF07FM1, mRNA sequence	37%	3,00E-98	80%	<i>Quercus petraea</i>	
		Populus stem seasonal library <i>Populus deltoides</i> cDNA, mRNA sequence	37%	1,00E-97	80%	<i>Populus deltoides</i>	stem
		<i>Quercus robur</i> one year old cuttings <i>Quercus robur</i> cDNA clone WZ0AQRAL2YE07FM1, mRNA sequence	37%	4,00E-97	79%	<i>Quercus robur</i>	one year old cuttings
		Ruby Orange Developing Seed cDNA Library UCRC509 <i>Citrus sinensis</i> cDNA clone UCRC509-6E03-J5-1-4.b, mRNA sequence	44%	4,00E-97	79%	<i>Citrus sinensis</i>	developing seed
122	923	KCI Salt <i>Citrus reshni</i> cDNA clone KN0AALIDE01, mRNA sequence	85%	0.0	81%	<i>Citrus reshni</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Treated seedlings (EUGR-TS) Eucalyptus grandis cDNA clone GR-TS-001-GO-050-E01 5', mRNA sequence	21%	2,00E-45	79%	<i>Eucalyptus camaldulensis</i>	treated seedlings
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	41%	3,00E-29	67%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		Malus x domestica cDNA 3' similar to ref NP_196272.1  pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein [Arabidopsis thaliana] dbj BAB11403.1  selenium-binding protein-like [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence	19%	1,00E-22	73%	<i>Malus domestica</i>	pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein
		Citrus clementina cDNA 5', mRNA sequence	38%	3,00E-17	66%	<i>Citrus clementina</i>	
		Populus strain T89 leaves Populus tremula x Populus tremuloides cDNA, mRNA sequence	19%	4,00E-15	70%	<i>Populus tremula</i> x <i>Populus tremuloides</i>	
		Roots, dark Pinus taeda cDNA clone RTDK1_19_A06_A029 5', mRNA sequence	19%	5,00E-14	70%	<i>Pinus taeda</i>	roots
129	384	Olea europaea flower Olea europaea cDNA clone cl-5-D11, mRNA sequence	100%	0.0	100%	<i>Olea europaea</i>	flower
		Sweet potato (Ayamurasaki) developing tuberous root cDNA Ipomoea batatas cDNA clone IT1331 3', mRNA sequence	100%	0.0	100%	<i>Ipomoea batatas</i>	developing tuberous root
		SSH cDNA library of tea callus induced by freezing stress Camellia sinensis cDNA clone L2CD5, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Camellia sinensis</i>	callus induced by freezing stress
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEEAA32YL07CM1, mRNA sequence	100%	0.0	99%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
130	394	Glycine max cDNA clone GMFL01-33-NI15 3', mRNA sequence	16%	5,00E-08	83%	<i>Glycine max</i>	
		Soybean Seeds Containing Globular-Stage Embryos Glycine max cDNA, mRNA sequence	16%	5,00E-08	83%	<i>Glycine max</i>	seeds containing globular-stage embryos
		Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence	19%	9,00E-05	77%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
131	307	cDNA library from Olive leaves and fruits Olea europaea cDNA, mRNA sequence	96%	9,00E-137	95%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Down-regulated cDNAs from olive ( <i>Olea europaea</i> ) roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i> PICF7 strain. Olea europaea cDNA, mRNA sequence	65%	2,00E-94	99%	<i>Olea europaea</i>	roots inoculated with <i>Pseudomonas fluorescens</i>



**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεως Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		Castor bean cDNA library from roots, 1.8 kb Ricinus communis cDNA clone RCRCT19, mRNA sequence	91%	0.0	84%	<i>Ricinus communis</i>	roots
		Storage root cDNA library Ipomoea batatas cDNA, mRNA seq	80%	0.0	87%	<i>Ipomoea batatas</i>	storage root
138	405	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence Subtractive cDNA library of <i>Petunia hybrida</i> , Mitchell diploid (W115)(EB-4) <i>Petunia x hybrida</i> cDNA clone dts21P0003F12_F.ab1 2007-08-10, mRNA sequence	87%	1,00E-98	83%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		In vitro Root <i>Solanum tuberosum</i> cDNA, mRNA sequence	95%	2,00E-84	79%	<i>Solanum tuberosum</i>	in vitro root
		<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	84%	2,00E-69	77%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Raphanus sativus</i> GSK3-1 root <i>Raphanus sativus</i> cDNA clone RSCR04P09, mRNA sequence	74%	4,00E-66	79%	<i>Raphanus sativus</i>	root
		<i>Brassica napus</i> Root - drought <i>Brassica napus</i> cDNA, mRNA seq	74%	5,00E-65	79%	<i>Brassica napus</i>	root - drought
		Glycine max callus grown in dark condition Glycine max cDNA clone CCCC22960 3, mRNA sequence	76%	2,00E-64	79%	<i>Glycine max</i>	callus grown in dark condition
139	225	<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA8YF10CMI, mRNA sequence	100%	1,00E-83	91%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	64%	3,00E-58	96%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		<i>Antirrhinum majus</i> whole plant <i>Antirrhinum majus</i> cDNA clone 018_4_09_109, mRNA sequence	72%	3,00E-52	89%	<i>Antirrhinum majus</i>	whole plant
		<i>Prunus persica</i> cultivar Manami mesocarp <i>Prunus persica</i> cDNA clone M1208, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Prunus persica</i>	mesocarp
		Tender roots cDNA library of tea plant <i>Camellia sinensis</i> cDNA clone 08012802-OUY1_CHAG_39_31.M13+_G04, mRNA seq	69%	3,00E-46	87%	<i>Camellia sinensis</i>	tender roots
		<i>Prunus persica</i> cDNA clone PP1000D08, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Prunus persica</i>	
		<i>Actinidia chinensis</i> cell culture <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAVCC00732, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Actinidia chinensis</i>	cell culture
		<i>Actinidia chinensis</i> - active meristems <i>Actinidia chinensis</i> cDNA clone KAWBB00126, mRNA sequence	67%	3,00E-46	88%	<i>Actinidia chinensis</i>	active meristems

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		Grape cv. Summer Black flower and fruit <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	47%	1,00E-33	81%	<i>Vitis vinifera</i>	flower and fruit
		<i>Vitis vinifera</i> cDNA clone VVM008A05031 5' similar to emb_CAN60703.1 hypothetical protein [ <i>Vitis vinifera</i> ]. Expect = 3e-109, mRNA sequence	47%	1,00E-33	81%	<i>Vitis vinifera</i>	
		<i>Malus x domestica</i> cDNA similar to ref NP_178476.1  nonsense-mediated mRNA decay protein -related [ <i>Arabidopsis thaliana</i> ] pir F84452 probable nonsense-mediated mRNA decay protein [imported] - <i>Arabidopsis thaliana</i> gb AAD24816.1  putative nonsense-mediated mRNA decay protein [ <i>Arabidop. mRNA seq</i>	47%	2,00E-32	80%	<i>Malus domestica</i>	nonsense-mediated mRNA decay protein -related
		<i>Citrus clementina</i> cDNA clone KN0AAQ9YL22, mRNA seq	46%	1,00E-28	79%	<i>Citrus clementina</i>	
148	359	<i>Triphysaria pusilla</i> root tip normalized cDNA library <i>Triphysaria pusilla</i> cDNA, mRNA sequence	41%	3,00E-35	83%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
		<i>Poncirus trifoliata</i> CTV-challenged cDNA library - UCRPT01-UCR2 <i>Citrus trifoliata</i> cDNA clone UCRPT01_002_T7_E06, mRNA sequence	41%	1,00E-28	80%	<i>Poncirus trifoliata</i>	
		<i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PNI162 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	42%	2,00E-26	78%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
		Cab Sauv flower, leaf and root non-normalized (WIN02) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone WIN021_D17 3', mRNA sequence	42%	2,00E-26	78%	<i>Vitis vinifera</i>	flower, leaf and root
		<i>Panicum virgatum</i> callus (N) <i>Panicum virgatum</i> cDNA clone CCHY17293 3', mRNA sequence	39%	4,00E-21	77%	<i>Panicum virgatum</i>	callus
		<i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group) callus <i>Oryza sativa</i> Japonica Group cDNA clone J03B3048J01M3 3', mRNA seq	42%	5,00E-20	75%	<i>Oryza sativa</i>	callus
		<i>Populus euphratica</i> root 3-6 months <i>Populus euphratica</i> cDNA clone P0001600012G04F1, mRNA sequence	39%	5,00E-20	77%	<i>Populus euphratica</i>	root 3-6 months
151	195	<i>Nicotiana benthamiana</i> cDNA, mRNA sequence	97%	4,00E-24	73%	<i>Nicotiana benthamiana</i>	
		<i>Nicotiana tabacum</i> cDNA 5', mRNA sequence	97%	1,00E-18	72%	<i>Nicotiana tabacum</i>	
		In vitro Root <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone 59761 5', mRNA sequence	98%	5,00E-17	71%	<i>Solanum tuberosum</i>	in vitro root

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκλυαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη τήληροφορία
		Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEA0A33Y020CMI, mRNA sequence	62%	2,00E-168	90%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		cDNA library from Olive leaves and fruits <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	43%	5,00E-100	91%	<i>Olea europaea</i>	leaves and fruits
		Buds (VvS2) <i>Vitis vinifera</i> cDNA clone S2B24493, mRNA seq	38%	2,00E-80	86%	<i>Vitis vinifera</i>	buds
173	839	<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC19574.3, mRNA sequence	51%	1,00E-64	73%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CBPG3970.5, mRNA sequence	52%	1,00E-63	73%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		Late senescent leaf library <i>Nicotiana tabacum</i> cDNA, mRNA seq	54%	1,00E-52	70%	<i>Nicotiana tabacum</i>	late senescent leaf
		(roots from unfertilized <i>Solanum tuberosum</i> Shepody) <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone SRA_T3_087_A01_26MAY2005_015 5', mRNA sequence	51%	3,00E-34	69%	<i>Solanum tuberosum</i>	unfertilized roots
174	740	<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA0A46YH22CMI, mRNA sequence	79%	0.0	81%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
		<i>Castanea mollissima</i> cDNA, mRNA sequence	10%	2,00E-09	78%	<i>Castanea mollissima</i>	
		<i>Pinus pinaster</i> cDNA clone WZ0APPAA1YD06FMI, mRNA seq	5%	2,00E-05	90%	<i>Pinus pinaster</i>	
		(roots from <i>Solanum tuberosum</i> Shepody fertilized with nitrogen) <i>Solanum tuberosum</i> cDNA clone SRN_T3_163_F02_10JUN2005_006 5', mRNA sequence	6%	5,00E-05	87%	<i>Solanum tuberosum</i>	roots fertilized with nitrogen
		Slow drought stressed root cDNA library <i>Cicer arietinum</i> cDNA clone ICC1882_CD73_G03 5', mRNA sequence	6%	5,00E-05	87%	<i>Cicer arietinum</i>	slow drought stressed root
		Walnut root infected with <i>Pratylenchus vulnus</i> <i>Juglans hindisi</i> x <i>Juglans regia</i> cDNA clone WRN-02-1_II_A11 5', mRNA seq	4%	5,00E-05	94%	<i>Juglans hindisi</i> x <i>Juglans regia</i>	root infected with <i>Pratylenchus vulnus</i>
		<i>Vitis vinifera</i> cv. Pinot Noir PN40024 leaves cDNA library <i>Vitis vinifera</i> cDNA, mRNA sequence	7%	2,00E-04	83%	<i>Vitis vinifera</i>	leaves
177	690	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	58%	8,00E-110	87%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		<i>Fraxinus excelsior</i> cDNA clone WZ0AFEA0A23YH08CMI, mRNA sequence	61%	2,00E-29	68%	<i>Fraxinus excelsior</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
181	541	Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Solanum tuberosum cv. Yungay adult leaf, normalized Solanum tuberosum subsp. andigenum cDNA, mRNA sequence Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Capsicum annuum cDNA, mRNA sequence Tomato root during/after fruit set, Cornell University Solanum lycopersicum cDNA clone cLEX13L18 5', mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC17331 3', mRNA sequence Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Petunia floral post-ethylene cDNA library Petunia x hybrida cDNA clone Petunia-C2H4-26-A10 5' end, mRNA sequence Quercus robur cDNA clone WZ0AQRAP9YM02FM1, mRNA sequence Ralstonia solanacearum challenged root cDNA library of peanut (Arachis hypogaea) Arachis hypogaea cDNA clone ocprra0_0105_C06.ab1, mRNA sequence Root cDNA library of peanut (Arachis hypogaea) Arachis hypogaea cDNA clone ocpnra0_0049_G01.ab1, mRNA sequence Fraxinus excelsior cDNA clone WZ0AFEAA49YP09CMI, mRNA sequence Triphysaria pusilla root tip normalized cDNA library Triphysaria pusilla cDNA, mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots (H) Mimulus guttatus cDNA clone CCIC12386 3', mRNA sequence Mimulus guttatus IM62 roots, seedlings, fruits, callus (H) Mimulus guttatus cDNA clone CBPF7364 3', mRNA sequence Full-length enriched Striga hermonthica cDNA library Striga hermonthica cDNA clone SHAA-aa106c06 5', mRNA sequence	19%	2,00E-08	76%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root
			46%	5,00E-29	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	adult leaf
			48%	3,00E-26	71%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
			46%	3,00E-25	70%	<i>Capsicum annuum</i>	
			46%	2,00E-22	69%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root during/after fruit set
			59%	1,00E-18	68%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
			17%	4,00E-11	78%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
			20%	1,00E-10	75%	<i>Petunia hybrida</i>	floral post-ethylene
			44%	2,00E-09	67%	<i>Quercus robur</i>	
			45%	3,00E-07	66%	<i>Arachis hypogaea</i>	<i>Ralstonia solanacearum</i> challenged root
187	491		45%	1,00E-05	66%	<i>Arachis hypogaea</i>	root
			80%	2,00E-166	93%	<i>Fraxinus excelsior</i>	
			75%	3,00E-56	74%	<i>Triphysaria pusilla</i>	root tip
			67%	5,00E-47	73%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
			62%	2,00E-45	74%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
			34%	3,00E-25	77%	<i>Striga hermonthica</i>	

**Πίνακας 73. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωψαν με το πρόγραμμα BLAST EST	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		Solanum lycopersicum cv Micro-Tom root Solanum lycopersicum cDNA clone LEHL3104G04 5', mRNA sequence	62%	5,00E-62	73%	<i>Solanum lycopersicum</i>	root
		Swingle citrumelo nematode-challenged root cDNA library - UCRCP01 Citrus x paradisi x Citrus trifoliata cDNA clone UCRCP01_038_T3_A07, mRNA sequence	74%	5,00E-62	71%	<i>Citrus paradisi</i> x <i>Citrus trifoliata</i>	nematode-challenged root
191	570	One-month old Olive ( <i>Olea europaea</i> ) cv. Koroneiki seedlings library <i>Olea europaea</i> cDNA, mRNA sequence	32%	1,00E-80	95%	<i>Olea europaea</i>	one-month old cv. Koroneiki seedlings
		<i>Vaccinium corymbosum</i> cDNA, mRNA sequence	37%	3,00E-19	71%	<i>Vaccinium corymbosum</i>	
		<i>Fagus crenata</i> inner bark cDNA library <i>Fagus crenata</i> cDNA clone Fc_TUM08_06D05, mRNA sequence	27%	2,00E-15	74%	<i>Fagus crenata</i>	inner bark
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots, seedlings, fruits, callus (L)	11%	2,00E-09	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots, seedlings, fruits, callus
		<i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CBPG6199 3', mRNA sequence	11%	2,00E-09	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots
		<i>Mimulus guttatus</i> IM62 roots (H) <i>Mimulus guttatus</i> cDNA clone CCIC13356 3', mRNA sequence	11%	2,00E-09	84%	<i>Mimulus guttatus</i>	roots

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		hypothetical protein CICLE_v10028892mg [Citrus clementina]	69%	5,00E-154	72%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		sorbitol-6-phosphate dehydrogenase 1 [Malus domestica]	69%	1,00E-132	64%	<i>Malus domestica</i>	sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
		NADP-dependent sorbitol-6-phosphate dehydrogenase [Prunus lusitanica]	52%	1,00E-98	63%	<i>Prunus lusitanica</i>	NADP-dependent sorbitol-6-phosphate dehydrogenase
100	1097	glucosyltransferase [Nicotiana tabacum]	91%	1,00E-143	63%	<i>Nicotiana tabacum</i>	glucosyltransferase
		UDP-glucose crocetin glucosyltransferase [Gardenia jasminoides]	90%	2,00E-137	61%	<i>Gardenia jasminoides</i>	UDP-glucose crocetin glucosyltransferase
		PREDICTED: UDP-glycosyltransferase 75D1-like [Vitis vinifera]	91%	5,00E-125	58%	<i>Vitis vinifera</i>	UDP-glycosyltransferase
		PREDICTED: anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase-like [Solanum tuberosum]	91%	1,00E-120	52%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanidin 3-O-glucoside 5-O-glucosyltransferase
		Indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase family protein [Populus trichocarpa] >gb ABK96313.1  unknown [Populus trichocarpa x Populus deltoides]	84%	5,00E-119	59%	<i>Populus trichocarpa</i>	indole-3-acetate beta-d-glucosyltransferase
		UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase [Pyrus communis]	91%	5,00E-114	53%	<i>Pyrus communis</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
		UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase [Theobroma cacao]	91%	3,00E-113	53%	<i>Theobroma cacao</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
		UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase [Malus domestica]	91%	4,00E-113	53%	<i>Malus domestica</i>	UDP-glucose:flavonoid 7-O-glucosyltransferase
		monoterpene glucosyltransferase [Eucalyptus perriniana]	90%	1,00E-103	50%	<i>Eucalyptus perriniana</i>	monoterpene glucosyltransferase
		UDP-glucose:indole-3-acetate beta-D-glucosyltransferase [Arabidopsis thaliana]	83%	2,00E-75	41%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	UDP-glucose:indole-3-acetate beta-D-glucosyltransferase
		putative glucosyltransferase, partial [Olea europaea]	36%	3,00E-75	98%	<i>Olea europaea</i>	glucosyltransferase
101	1473	PREDICTED: protein pelota-like [Solanum tuberosum]	76%	0.0	89%	<i>Solanum tuberosum</i>	pelota
		Eukaryotic release factor 1 (eRF1) family protein isoform 1 [Theobroma cacao]	76%	0.0	86%	<i>Theobroma cacao</i>	eukaryotic release factor 1 (eRF1) family protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίκιος	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορίες
		PREDICTED: regulator of nonsense transcripts UPF3-like [Solanium tuberosum]	100%	2,00E-115	65%	<i>Solanum tuberosum</i>	regulator of nonsense transcripts
		Smg-4/UPF3 family protein, putative isoform I [Theobroma cacao]	99%	4,00E-110	63%	<i>Theobroma cacao</i>	smg-4/UPF3 family protein
		conserved hypothetical protein [Ricinus communis] >gb EHEF35930.1  conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	98%	2,00E-98	55%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: regulator of nonsense transcripts UPF3-like isoform X2 [Cicer arietinum]	98%	4,00E-91	54%	<i>Cicer arietinum</i>	regulator of nonsense transcripts
		hypothetical protein VITISV_035617 [Vitis vinifera]	73%	4,00E-62	57%	<i>Vitis vinifera</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein CICLE_v10024224mg [Citrus clementina]	18%	2,00E-23	71%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
109	1158	PREDICTED: putative DNA repair protein RAD23-1-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	81%	1,00E-127	68%	<i>Fragaria vesca</i>	DNA repair protein
		Rad23 UV excision repair protein family isoform I [Theobroma cacao]	81%	2,00E-127	72%	<i>Theobroma cacao</i>	uv excision repair protein
		hypothetical protein CICLE_v100258682mg, partial [Citrus clementina]	61%	2,00E-127	81%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: ubiquitin receptor RAD23b-like [Solanum tuberosum]	81%	4,00E-125	67%	<i>Solanum tuberosum</i>	ubiquitin receptor RAD23b
		hypothetical protein PRUPE_ppa007284mg [Prunus persica]	81%	2,00E-124	68%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: putative DNA repair protein RAD23-1-like [Solanum lycopersicum]	81%	1,00E-121	67%	<i>Solanum lycopersicum</i>	DNA repair protein RAD23
		DNA repair protein RAD23 [Populus trichocarpa]	81%	4,00E-118	65%	<i>Populus trichocarpa</i>	DNA repair protein RAD23
		>gb EHEF78949.1  DNA repair protein RAD23 [Populus trichocarpa]	81%	5,00E-113	61%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	DNA repair protein RAD23
110	1071	putative DNA repair protein RAD23-1 [Arabidopsis thaliana] >sp Q84L33.3 RD23B_ARATH RecName: Full=Ubiquitin receptor RAD23b; Short=ARAD23b	81%	3,00E-68	69%	<i>Populus trichocarpa</i>	predicted protein
		predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006368443.1  GMFF4 family protein [Populus trichocarpa]	63%	5,00E-68	66%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100815033 [Glycine max]	63%	5,00E-68	66%		

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like [Glycine max]	99%	0.0	84%	<i>Glycine max</i>	homeobox-leucine zipper protein
		homeobox-leucine zipper family protein [Populus trichocarpa] >gb AA19055.1  class III HD-Zip protein 6 [Populus trichocarpa]	99%	0.0	84%	<i>Populus trichocarpa</i>	homeobox-leucine zipper family protein
		PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like [Solanum lycopersicum]	99%	0.0	84%	<i>Solanum lycopersicum</i>	homeobox-leucine zipper protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa001405mg [Prunus persica]	99%	0.0	83%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: homeobox-leucine zipper protein ATHB-15-like [Cicer arietinum]	99%	0.0	83%	<i>Cicer arietinum</i>	homeobox-leucine zipper protein
125	1010	PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial [Solanum tuberosum]	50%	1,00E-96	85%	<i>Solanum tuberosum</i>	ATP synthase subunit gamma
		ATP synthase f1, gamma subunit, putative [Ricinus communis]	50%	4,00E-93	85%	<i>Ricinus communis</i>	ATP synthase subunit gamma
		hypothetical protein CICLE_v100211692mg, partial [Citrus clementina]	50%	2,00E-92	85%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like [Cucumis sativus]	49%	1,00E-90	83%	<i>Cucumis sativus</i>	ATP synthase subunit gamma
		PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial [Vitis vinifera] >emb CBI15122.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	50%	2,00E-90	84%	<i>Vitis vinifera</i>	ATP synthase subunit gamma
		predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006374402.1  ATP synthase gamma chain family protein [Populus trichocarpa]	50%	4,00E-88	79%	<i>Populus trichocarpa</i>	ATP synthase subunit gamma
		PREDICTED: ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like [Glycine max]	48%	1,00E-85	80%	<i>Glycine max</i>	ATP synthase subunit gamma
		ATP synthase subunit gamma [Arabidopsis thaliana] >sp Q96250.1 ATPG3_ARATH RecName: Full=ATP synthase subunit gamma, mitochondrial; AltName: Full=F-ATPase gamma subunit	50%	2,00E-80	73%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ATP synthase subunit gamma
126	601	PREDICTED: protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1-like [Solanum tuberosum]	28%	2,00E-15	62%	<i>Solanum tuberosum</i>	protein brassinazole-resistant



**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		hypothetical protein PRUPE_ppa024598mg [Prunus persica]	37%	3,00E-46	57%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
129	384	hypothetical protein PHAVU_011G075000g [Phaseolus vulgaris]	30%	5,00E-19	100%	<i>Phaseolus vulgaris</i>	hypothetical protein
		Cell wall-associated hydrolase [Medicago truncatula]	40%	3,00E-04	67%	<i>Medicago truncatula</i>	cell wall-associated hydrolase
130	394	unknown [Medicago truncatula]	15%	0,062	80%	<i>Medicago truncatula</i>	unknown
131	307	histone H3, partial [Zea mays]	37%	4,00E-10	79%	<i>Zea mays</i>	histone H3
		histone H3 (AA 1-58) [Medicago sativa]	25%	1,00E-09	100%	<i>Medicago sativa</i>	histone H3
		hypothetical protein POPTR_0003s22180g [Populus trichocarpa]	25%	1,00E-09	100%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: histone H3.2-like, partial [Cucumis sativus]	25%	2,00E-09	100%	<i>Cucumis sativus</i>	histone H3
		putative histone H3, partial [Pyrus pyrifolia var. culta]	25%	2,00E-09	100%	<i>Pyrus pyrifolia</i>	histone H3
		unnamed protein product [Vitis vinifera]	25%	2,00E-09	100%	<i>Vitis vinifera</i>	unnamed protein product
		hypothetical protein CICLE_v10017848mg [Citrus Clementina]	25%	2,00E-09	100%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		Histone H3.3 [Arabidopsis thaliana]	25%	4,00E-09	100%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	histone H3
		PREDICTED: histone H3.2-like [Solanum lycopersicum]	25%	4,00E-09	100%	<i>Solanum lycopersicum</i>	histone H3
132	949	ribosomal protein L3 [Solanum lycopersicum]	94%	0,0	95%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ribosomal protein L3
		60S ribosomal protein L3, putative [Ricinus communis]	94%	0,0	94%	<i>Ricinus communis</i>	60S ribosomal protein L3
		ribosomal protein L3A [Nicotiana tabacum]	94%	0,0	94%	<i>Nicotiana tabacum</i>	ribosomal protein L3
		PREDICTED: 60S ribosomal protein L3-like [Vitis vinifera]	94%	0,0	94%	<i>Vitis vinifera</i>	60S ribosomal protein L3
		Ribosomal protein L1 [Theobroma cacao]	94%	0,0	93%	<i>Theobroma cacao</i>	ribosomal protein
		ribosomal protein L1 [Populus trichocarpa] >gb ABK93633.1	94%	0,0	93%	<i>Populus trichocarpa</i>	ribosomal protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		ribosomal S15 family protein [Populus trichocarpa]	64%	1,00E-29	96%	<i>Populus trichocarpa</i>	ribosomal protein S15
		hypothetical protein CICLE_v10022652mg [Citrus clementina]	64%	2,00E-29	96%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S15-like [Glycine max]	64%	2,00E-29	96%	<i>Glycine max</i>	40S ribosomal protein S15
		40S ribosomal protein S15-like isoform 1 [Theobroma cacao]	64%	2,00E-29	96%	<i>Theobroma cacao</i>	40S ribosomal protein S15
		40S ribosomal protein S15, putative [Ricinus communis]	64%	2,00E-29	96%	<i>Ricinus communis</i>	40S ribosomal protein S15
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S15-like isoform 1 [Vitis vinifera]	64%	2,00E-29	96%	<i>Vitis vinifera</i>	40S ribosomal protein S15
		40S ribosomal protein S15-4 [Arabidopsis thaliana]	64%	3,00E-29	94%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	40S ribosomal protein S15
142	294	EIN2 -like protein, nramp transporter [Populus trichocarpa]	98%	3,00E-35	81%	<i>Populus trichocarpa</i>	nramp transporter
		EIN2-like protein, nramp transporter isoform 1 [Theobroma cacao]	98%	4,00E-35	81%	<i>Theobroma cacao</i>	nramp transporter
		ethylene insensitive protein, putative [Ricinus communis]	98%	2,00E-33	78%	<i>Ricinus communis</i>	ethylene insensitive protein
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	98%	2,00E-32	75%	<i>Fragaria vesca</i>	ethylene-insensitive protein
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like [Vitis vinifera]	98%	2,00E-32	76%	<i>Vitis vinifera</i>	ethylene-insensitive protein
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like [Glycine max]	98%	3,00E-32	74%	<i>Glycine max</i>	ethylene-insensitive protein
		ethylene signalling protein [Prunus persica]	98%	5,00E-31	71%	<i>Prunus persica</i>	ethylene signalling protein
		ethylene signalling protein [Malus domestica]	98%	2,00E-30	69%	<i>Malus domestica</i>	ethylene signalling protein
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like isoform X1 [Solanum tuberosum]	98%	2,00E-30	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	ethylene-insensitive protein
		ethylene-insensitive protein 2 [Arabidopsis thaliana]	98%	1,00E-28	70%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ethylene-insensitive protein
		>sp Q98814.1 EIN2_ARATH RecName: Full=Ethylene-insensitive protein 2; Short=AIEIN2; Short=EIN-2; AltName: Full=Cytokinin-resistant protein AtCKR1	98%	1,00E-28	68%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ethylene-insensitive protein
		ethylene-insensitive 2 [Solanum lycopersicum]	98%	1,00E-28	68%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ethylene-insensitive protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίκιος	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
		ribosomal S15 family protein [Populus trichocarpa]	64%	1,00E-29	96%	<i>Populus trichocarpa</i>	ribosomal protein S15
		hypothetical protein CICLE_v10022652mg [Citrus clementina]	64%	2,00E-29	96%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S15-like [Glycine max]	64%	2,00E-29	96%	<i>Glycine max</i>	40S ribosomal protein S15
		40S ribosomal protein S15-like isoform 1 [Theobroma cacao]	64%	2,00E-29	96%	<i>Theobroma cacao</i>	40S ribosomal protein S15
		40S ribosomal protein S15, putative [Ricinus communis]	64%	2,00E-29	96%	<i>Ricinus communis</i>	40S ribosomal protein S15
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S15-like isoform 1 [Vitis vinifera]	64%	2,00E-29	96%	<i>Vitis vinifera</i>	40S ribosomal protein S15
		40S ribosomal protein S15-4 [Arabidopsis thaliana]	64%	3,00E-29	94%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	40S ribosomal protein S15
142	294	EIN2-like protein, nramp transporter [Populus trichocarpa]	98%	3,00E-35	81%	<i>Populus trichocarpa</i>	nramp transporter
		EIN2-like protein, nramp transporter isoform 1 [Theobroma cacao]	98%	4,00E-35	81%	<i>Theobroma cacao</i>	nramp transporter
		ethylene insensitive protein, putative [Ricinus communis]	98%	2,00E-33	78%	<i>Ricinus communis</i>	ethylene insensitive protein
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	98%	2,00E-32	75%	<i>Fragaria vesca</i>	ethylene-insensitive protein
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like [Vitis vinifera]	98%	2,00E-32	76%	<i>Vitis vinifera</i>	ethylene-insensitive protein
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like [Glycine max]	98%	3,00E-32	74%	<i>Glycine max</i>	ethylene-insensitive protein
		ethylene signalling protein [Prunus persica]	98%	5,00E-31	71%	<i>Prunus persica</i>	ethylene signalling protein
		ethylene signalling protein [Malus domestica]	98%	2,00E-30	69%	<i>Malus domestica</i>	ethylene signalling protein
		PREDICTED: ethylene-insensitive protein 2-like isoform XI [Solanum tuberosum]	98%	2,00E-30	70%	<i>Solanum tuberosum</i>	ethylene-insensitive protein
		ethylene-insensitive protein 2 [Arabidopsis thaliana] >sp Q9S814.1 EIN2_ARATH RecName: Full=Ethylene-insensitive protein 2; Short=A EIN2; Short=EIN-2; AINName: Full=Cytokinin-resistant protein AtCKR1	98%	1,00E-28	70%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ethylene-insensitive protein
		ethylene-insensitive 2 [Solanum lycopersicum]	98%	1,00E-28	68%	<i>Solanum lycopersicum</i>	ethylene-insensitive protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποικίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
143	340	PREDICTED: 60S ribosomal export protein NMD3-like [Cicer arietinum] PREDICTED: 60S ribosomal export protein NMD3-like isoform 1 [Solanum lycopersicum] hypothetical protein PRUPE_ppa004435mg [Prunus persica] PREDICTED: 60S ribosomal export protein NMD3-like [Vitis vinifera] predicted protein [Populus trichocarpa] PREDICTED: 60S ribosomal export protein NMD3-like [Glycine max] Nonsense-mediated mRNA decay NMD3 family protein isoform 1 [Theobroma cacao] putative nonsense-mediated mRNA decay protein [Arabidopsis thaliana] iron hydrogenase family protein [Populus trichocarpa]	45%	2,00E-24	88%	<i>Cicer arietinum</i>	60S ribosomal export protein
			45%	2,00E-24	85%	<i>Solanum lycopersicum</i>	60S ribosomal export protein
			45%	4,00E-24	87%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
			45%	5,00E-24	85%	<i>Vitis vinifera</i>	60S ribosomal export protein
			45%	4,00E-23	87%	<i>Populus trichocarpa</i>	predicted protein
			48%	1,00E-22	82%	<i>Glycine max</i>	60S ribosomal export protein
			56%	2,00E-19	61%	<i>Theobroma cacao</i>	nonsense-mediated mRNA decay protein
			43%	3,00E-18	78%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	nonsense-mediated mRNA decay protein
148	359	iron hydrogenase family protein [Populus trichocarpa]	40%	1,00E-21	82%	<i>Populus trichocarpa</i>	iron hydrogenase family protein
		PREDICTED: cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl-like [Solanum tuberosum]	40%	1,00E-21	84%	<i>Solanum tuberosum</i>	cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl
		PREDICTED: cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl-like [Setaria italica]	40%	1,00E-20	75%	<i>Setaria italica</i>	cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl
		hypothetical protein CICLE_v10004004mg [Citrus clementina]	40%	1,00E-20	76%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: cytosolic Fe-S cluster assembly factor NARFL-like [Vitis vinifera] >emb CBI38438.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	40%	1,00E-19	78%	<i>Vitis vinifera</i>	cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl
		PREDICTED: cytosolic Fe-S cluster assembly factor NARFL-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	40%	3,00E-19	71%	<i>Fragaria vesca</i>	cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl
		hypothetical protein PRUPE_ppa005089mg [Prunus persica]	40%	1,00E-18	78%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		Ferredoxin hydrogenases [Theobroma cacao]	40%	3,00E-18	76%	<i>Theobroma cacao</i>	ferredoxin hydrogenases
		PREDICTED: cytosolic Fe-S cluster assembly factor NARFL-like [Glycine max]	40%	2,00E-16	67%	<i>Glycine max</i>	cytosolic Fe-S cluster assembly factor narfl

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αλληλουχίας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκριναν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη τήληφοφία
		[FeFe]-hydrogenase-like protein Gollum [Arabidopsis thaliana] >emb CA4620.1  Narf-like protein [Arabidopsis thaliana] >gb ABE83748.1  [FeFe]-hydrogenase-like protein Gollum [Arabidopsis thaliana]	40%	2,00E-14	61%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	FeFe-hydrogenase
151	195	BAHD acyltransferase [Erythroxylum coca] transferase family protein [Populus trichocarpa] >gb EEF04726.1  hypothetical family protein [Populus trichocarpa] hypohetical protein PRUPE_ppad05318mg [Prunus persica] PREDICTED: BAHD acyltransferase DCR-like [Solanum lycopersicum]	96%	1,00E-13	70%	<i>Erythroxylum coca</i>	BAHD acyltransferase
		transferase family protein [Populus trichocarpa] >gb EEF04726.1  transferase family protein [Populus trichocarpa]	96%	5,00E-13	67%	<i>Populus trichocarpa</i>	transferase
		hypohetical protein PRUPE_ppad05318mg [Prunus persica]	96%	1,00E-11	65%	<i>Prunus persica</i>	
		PREDICTED: BAHD acyltransferase DCR-like [Solanum lycopersicum]	98%	1,00E-11	66%	<i>Solanum lycopersicum</i>	BAHD acyltransferase
		PREDICTED: BAHD acyltransferase DCR-like [Glycine max]	96%	2,00E-11	62%	<i>Glycine max</i>	BAHD acyltransferase
		PREDICTED: BAHD acyltransferase DCR-like [Solanum tuberosum]	98%	2,00E-11	62%	<i>Solanum tuberosum</i>	BAHD acyltransferase
		PREDICTED: BAHD acyltransferase DCR-like [Vitis vinifera]	96%	2,00E-11	62%	<i>Vitis vinifera</i>	BAHD acyltransferase
		Anthocyanin 5-aromatic acyltransferase, putative [Ricinus communis]	96%	1,00E-10	63%	<i>Ricinus communis</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
		HXXXXD-type acyl-transferase family protein [Theobroma cacao]	98%	3,00E-10	58%	<i>Theobroma cacao</i>	acyl-transferase
		HXXXXD-type acyl-transferase-like protein [Arabidopsis thaliana] >gb AAK50105.1 AF372968_1 A12g39980/T28M21.14 [Arabidopsis thaliana] >gb AAB95283.1  putative anthocyanin 5-aromatic acyltransferase [Arabidopsis thaliana] >gb AAM70565.1  A12g39980/T28M21.14 [Arabidopsis thaliana] >gb ABE65472.1  transferase family protein [Arabidopsis thaliana]	96%	2,00E-08	59%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
155	418	PREDICTED: T-complex protein 1 subunit epsilon-like [Glycine max] chaperonin containing t-complex protein 1, epsilon subunit, tpepe, putative [Ricinus communis]	48%	2,00E-35	94%	<i>Glycine max</i>	T-complex protein
		PREDICTED: T-complex protein 1 subunit epsilon-like [Solanum tuberosum]	48%	3,00E-35	94%	<i>Ricinus communis</i>	chaperonin containing T-complex protein
			48%	3,00E-35	94%	<i>Solanum tuberosum</i>	T-complex protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		TCP-1/cpn60 chaperonin family protein isoform 2 [Theobroma cacao]	48%	4,00E-35	91%	<i>Theobroma cacao</i>	chaperonin containing T-complex protein
		hypothetical protein CICLE_v10031191mg [Citrus clementina]	48%	1,00E-33	87%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: T-complex protein 1 subunit epsilon [Vitis vinifera] >emb CB122104.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	48%	4,00E-33	90%	<i>Vitis vinifera</i>	T-complex protein
		T-complex protein 1 [Populus trichocarpa] >gb EEF01817.1  T-complex protein 1 [Populus trichocarpa]	48%	1,00E-32	87%	<i>Populus trichocarpa</i>	T-complex protein
		TCP-1/cpn60 chaperonin family protein [Arabidopsis thaliana] >dbj BAD43937.1  putative protein [Arabidopsis thaliana]	39%	3,00E-28	89%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	chaperonin containing T-complex protein
162	508	RecName: Full=60S ribosomal protein L31 >gb AAF42953.1 AF237624_1 80S ribosomal protein L31 [Perilla frutescens]	60%	2,00E-63	95%	<i>Perilla frutescens</i>	60S ribosomal protein L31
		60S ribosomal protein L31, putative [Ricinus communis] >gb EEF40795.1  60S ribosomal protein L31, putative [Ricinus communis]	60%	4,00E-62	93%	<i>Ricinus communis</i>	60S ribosomal protein L31
		PREDICTED: 60S ribosomal protein L31-1-like [Fragaria vesca subsp. vesca]	60%	2,00E-60	91%	<i>Fragaria vesca</i>	60S ribosomal protein L31
		hypothetical protein PRUPE_ppa013471mg [Prunus persica]	60%	5,00E-60	90%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: 60S ribosomal protein L31-like isoform 1 [Cucumis sativus] >ref XP_004141040.1  PREDICTED: 60S ribosomal protein L31-like isoform 2 [Cucumis sativus]	60%	1,00E-59	90%	<i>Cucumis sativu</i>	60S ribosomal protein L31
		Ribosomal protein L31e family protein [Theobroma cacao]	60%	2,00E-59	89%	<i>Theobroma cacao</i>	ribosomal protein L31
		uncharacterized protein LOC100499742 [Glycine max] >gb ACU13458.1  unknown [Glycine max]	60%	2,00E-58	88%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		hypothetical protein POPTR_0009s06860g [Populus trichocarpa]	60%	1,00E-57	87%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		60S ribosomal protein L31-3 [Arabidopsis thaliana] >sp P51420.2 RL313_ARATH RecName: Full=60S ribosomal protein L31-3 >dbj BAB09889.1  60S ribosomal protein L31 [Arabidopsis thaliana] >gb AAK91410.1  AT5g56710/MIK19_16 [Arabidopsis thaliana] >gb AAM70530.1	60%	5,00E-55	83%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	60S ribosomal protein L31

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόα ή άλλη πληροφορία
166	694	PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C-like [Fragaria vesca subsp. vesca] PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C-like [Cucumis sativus] >ref XP_004170337.1  PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C-like [Cucumis sativus]	39%	3,00E-50	83%	<i>Fragaria vesca</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		ubiquitin-conjugating family protein [Jatropha curcas] >gb ADY04060.1  protein binding/ubiquitin-protein ligase 1 [Hevea brasiliensis] >gb EOY08418.1  Ubiquitin E2 variant 1D-4 [Theobroma cacao]	39%	2,00E-49	84%	<i>Jatropha curcas</i>	ubiquitin-conjugating family protein
		PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C-like [Setaria italica] MMS ZWEI-like protein 3 [Arabidopsis thaliana] >sp Q9SI44.1 UEVIC_ARATH RecName: Full=Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C; Short=Ubc enzyme variant 1C; AltName: Full=Protein MMS ZWEI HOMOLOG 3 >gb AAD21451.1  E2, ubiquitin-conjugating enzyme, putative [Arabidopsis thaliana]	39%	3,00E-49	82%	<i>Setaria italica</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		ubiquitin-conjugating enzyme, putative [Ricinus communis]	39%	3,00E-49	84%	<i>Ricinus communis</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1D-like [Solanum tuberosum]	39%	3,00E-49	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1D-like [Glycine max]	39%	1,00E-48	83%	<i>Glycine max</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		PREDICTED: ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1D-like isoform 1 [Vitis vinifera]	39%	1,00E-48	82%	<i>Vitis vinifera</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		ubiquitin-conjugating enzyme family protein [Populus trichocarpa] >gb ABK94144.1  unknown [Populus trichocarpa]	39%	2,00E-48	82%	<i>Populus trichocarpa</i>	ubiquitin-conjugating enzyme
		hypothetical protein PRUPE_ppa012983mg [Prunus persica]	39%	2,00E-48	83%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein CICLE_v10012997mg [Citrus Clementina]	39%	2,00E-46	81%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1D [Arabidopsis thaliana]	39%	2,00E-46	78%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	ubiquitin-conjugating enzyme

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
173	839	RecName: Full=Calcium-binding allergen Ole e 8; AltName: Full=PCA18/PCA23; AltName: Allergen=Ole e 8 >gb AAF31151.1 AF078679_1 calcium-binding protein [Olea europaea] PREDICTED: calcium-binding allergen Ole e 8-like [Solanum lycopersicum] PREDICTED: calcium-binding allergen Ole e 8-like [Solanum tuberosum] PREDICTED: calcium-binding allergen Ole e 8-like [Glycine max] PREDICTED: probable calcium-binding protein CML18-like [Setaria italica] PREDICTED: calcium-binding allergen Ole e 8 [Vitis vinifera] >emb CAN68471.1 hypothetical protein VITISV_028194 [Vitis vinifera] PREDICTED: probable calcium-binding protein CML27-like [Cucumis sativus] hypothetical protein CICLE_v10013012mg [Citrus clementina] putative calcium-binding protein CML27 [Arabidopsis thaliana] >ref NP_849686.1 putative calcium-binding protein CML27 [Arabidopsis thaliana] >sp Q9LE22.1 CML27_ARATH RecName: Full=Probable calcium-binding protein CML27; AltName: Full=Calmodulin-like protein 27 >gb AAF78384.1 AC069551_17 T10022.19 [Arabidopsis thaliana] >gb AAF97837.1 AC034107_20 Strong similarity to calcium-binding protein (PCA23) from Olea europaea gb AF078680 and contains multiple EF-hand PF00036 domains. hypothetical protein PRUPE_ppa012426mg [Prunus persica] PREDICTED: probable calcium-binding protein CML27-like [Fragaria vesca subsp. vesca] calcium binding family protein [Populus trichocarpa]	52%	3,00E-65	68%	<i>Olea europaea</i>	calcium-binding allergen Ole e 8
			52%	5,00E-61	64%	<i>Solanum lycopersicum</i>	calcium-binding allergen Ole e 8
			52%	2,00E-58	62%	<i>Solanum tuberosum</i>	calcium-binding allergen Ole e 8
			52%	5,00E-49	55%	<i>Glycine max</i>	calcium-binding allergen Ole e 8
			50%	2,00E-48	58%	<i>Setaria italica</i>	calcium-binding protein
			51%	3,00E-48	57%	<i>Vitis vinifera</i>	calcium-binding allergen Ole e 8
			52%	4,00E-48	55%	<i>Cucumis sativus</i>	calcium-binding protein
			52%	3,00E-47	55%	<i>Citrus clementina</i>	
			50%	4,00E-45	52%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	calcium-binding protein
			50%	4,00E-45	54%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
			50%	1,00E-44	53%	<i>Fragaria vesca</i>	calcium-binding protein
			51%	1,00E-42	51%	<i>Populus trichocarpa</i>	calcium-binding protein



**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίου	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόσε ή άλλη πληροφορίες
174	740	No significant similarity found					
177	690	hypothetical protein CICLE_v10016695mg [Citrus Clementina]	73%	2,00E-49	53%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100855186 [Vitis vinifera]	73%	2,00E-45	51%		uncharacterized protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC102599997 isoform X1 [Solanum tuberosum] >ref XP_006363109.1  PREDICTED: uncharacterized protein LOC102599997 isoform X2 [Solanum tuberosum]	73%	6,00E-44	50%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein
		predicted protein [Populus trichocarpa] >ref XP_006389626.1  hypothetical protein POPTR_0021s00760g [Populus trichocarpa]	73%	4,00E-43	51%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC101255844 [Solanum lycopersicum]	73%	3,00E-41	47%	<i>Solanum lycopersicum</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC101218032 [Cucumis sativus]	73%	2,00E-36	51%	<i>Cucumis sativus</i>	uncharacterized protein
		Uncharacterized protein TCM_030219 [Theobroma cacao]	73%	3,00E-36	51%	<i>Theobroma cacao</i>	uncharacterized protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa012541mg [Prunus persica]	68%	2,00E-29	49%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
178	858	phenylalanine ammonia-lyase [Juglans nigra]	75%	1,00E-128	82%	<i>Juglans nigra</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		phenylalanine ammonia-lyase [Perilla frutescens]	82%	3,00E-128	86%	<i>Perilla frutescens</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		phenylalanine ammonia-lyase [Morus alba var. multicaulis]	82%	3,00E-121	86%	<i>Morus alba</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		phenylalanine ammonia-lyase 2 [Nicotiana attenuata]	87%	5,00E-121	85%	<i>Nicotiana attenuata</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		phenylalanine ammonia-lyase, putative [Ricinus communis]	89%	1,00E-120	86%	<i>Ricinus communis</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		phenylalanine ammonia-lyase [Quercus suber]	88%	1,00E-120	87%	<i>Quercus suber</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		phenylalanine ammonia-lyase family protein [Populus trichocarpa] >gb ACC63890.1  phenylalanine ammonia-lyase [Populus trichocarpa]	84%	2,00E-120	82%	<i>Populus trichocarpa</i>	phenylalanine ammonia-lyase

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκτας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομολογίας αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		phenylalanine ammonia-lyase [Vitis vinifera]	88%	3,00E-120	80%	<i>Vitis vinifera</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		PREDICTED: phenylalanine ammonia-lyase-like [Solanum tuberosum]	90%	1,00E-119	83%	<i>Solanum tuberosum</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		hypothetical protein PRUPE_ppa002328mg [Prunus persica]	80%	4,00E-119	82%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		phenylalanine ammonia lyase [Robinia pseudoacacia]	90%	5,00E-119	81%	<i>Robinia pseudoacacia</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		hypothetical protein CICLE_v10030821mg [Citrus clementina]	87%	1,00E-118	81%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: phenylalanine ammonia-lyase class 2-like [Glycine max]	84%	1,00E-118	81%	<i>Glycine max</i>	phenylalanine ammonia-lyase
		phenylalanine ammonia lyase [Pyrus communis]	87%	2,00E-117	80%	<i>Pyrus communis</i>	phenylalanine ammonia-lyase
180	494	hypothetical protein POPTR_0001s05420g [Populus trichocarpa]	26%	7,00E-05	38%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: transcription factor GTE8-like [Vitis vinifera]	24%	8,00E-05	63%	<i>Vitis vinifera</i>	transcription factor GTE8
		hypothetical protein PRUPE_ppb022240mg [Prunus persica]	37%	0.003	30%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
181	541	PREDICTED: uncharacterized protein LOC102595919 isoform X1 [Solanum tuberosum]	50%	5,00E-23	50%	<i>Solanum tuberosum</i>	uncharacterized protein
		Uncharacterized protein isoform 1 [Theobroma cacao]	63%	4,00E-19	44%	<i>Theobroma cacao</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100261053 [Vitis vinifera] >emb CB136316.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	63%	1,00E-17	42%	<i>Vitis vinifera</i>	uncharacterized protein
		hypothetical protein CICLE_v10009903mg [Citrus clementina]	63%	5,00E-16	42%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein POPTR_0001s19340g [Populus trichocarpa] >gb ABK95602.1  unknown [Populus trichocarpa]	62%	3,00E-15	36%	<i>Populus trichocarpa</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein MTR_2g103750 [Medicago truncatula] >gb ABD28733.1  hypothetical protein MtrDRAFT_AC149206g23v2 [Medicago truncatula]	61%	5,00E-15	40%	<i>Medicago truncatula</i>	hypothetical protein
		hypothetical protein PRUPE_ppa012838mg [Prunus persica]	47%	1,00E-14	46%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	63%	2,00E-14	41%	<i>Ricinus communis</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όρου δσα ή άλλη πληροφορία
		uncharacterized protein [Arabidopsis thaliana] >dbj BAB02307.1  unnamed protein product [Arabidopsis thaliana] >gb AAAM66129.1  unknown [Arabidopsis thaliana] >gb ABF59021.1  At3g15760 [Arabidopsis thaliana]	62%	4,00E-10	35%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	uncharacterized protein
187	491	hypothetical protein M569_11994 [Genlisea aurea] quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase [Glandularia x hybrida]	75%	5,00E-50	68%	<i>Genlisea aurea</i>	hypothetical protein
		hydroxycinnamoyl-CoA:anthocyanin 5-glucoside-6"-O-hydroxycinnamoyltransferase [Eustoma grandiflorum]	70%	2,00E-33	53%	<i>Eustoma grandiflorum</i>	hydroxycinnamoyl-CoA:anthocyanin 5-glucoside-6"-O-hydroxycinnamoyl transferase
		quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase [Lamium purpureum]	72%	2,00E-30	48%	<i>Lamium purpureum</i>	quercetin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
		PREDICTED: malonyl-coenzyme A:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase-like [Vitis vinifera]	71%	4,00E-27	49%	<i>Vitis vinifera</i>	malonyl-CoA:anthocyanin 3-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
		PREDICTED: anthocyanin 5-aromatic acyltransferase-like [Solanum tuberosum]	72%	5,00E-27	49%	<i>Solanum tuberosum</i>	anthocyanin 5-aromatic acyltransferase
		malonyl CoA:anthocyanin 5-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase [Perilla frutescens]	75%	1,00E-26	47%	<i>Perilla frutescens</i>	malonyl CoA:anthocyanin 5-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
		hypothetical protein PRUPE_ppa024873mg [Prunus persica]	74%	2,00E-21	41%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		anthocyanidin 3-O-glucoside-3",6"-O-dimalonyltransferase [Chrysanthemum x morifolium]	68%	3,00E-21	44%	<i>Chrysanthemum x morifolium</i>	anthocyanidin 3-O-glucoside-3",6"-O-dimalonyltransferase
		anthocyanin acyltransferase family protein [Populus trichocarpa]	75%	1,00E-20	40%	<i>Populus trichocarpa</i>	anthocyanin acyltransferase
		malonyl-CoA:isoflavone 7-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase [Glycine max]	69%	3,00E-20	38%	<i>Glycine max</i>	malonyl-CoA:isoflavone 7-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase
		hypothetical protein CICLE_v10015168mg [Citrus Clementina]	75%	4,00E-20	43%	<i>Citrus Clementina</i>	hypothetical protein

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αποτίκας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Τράπεζας Γονιδίων που προέκυψαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομολογία (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δρα ή άλλη πληροφορία
		HXXXD-type acyl-transferase family protein, putative [Theobroma cacao]	74%	2,00E-18	36%	<i>Theobroma cacao</i>	acyl-transferase
		PREDICTED: phenolic glucoside malonyltransferase 1-like [Cicer arietinum]	67%	1,00E-17	37%	<i>Cicer arietinum</i>	phenolic glucoside malonyltransferase
		Isoflavonoid malonyl transferase [Medicago truncatula] >ref XP_003621496.1  Isoflavonoid malonyl transferase [Medicago truncatula]	72%	2,00E-16	38%	<i>Medicago truncatula</i>	isoflavonoid malonyl transferase
189	918	hypothetical protein M569_02887, partial [Genlisea aurea] uncharacterized protein LOC100808747 [Glycine max] >gb ACU23875.1  unknown [Glycine max]	67%	3,00E-135	92%	<i>Genlisea aurea</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S3a-like [Cicer arietinum]	67%	1,00E-134	90%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S3a-like [Cicer arietinum]	67%	4,00E-134	90%	<i>Cicer arietinum</i>	40S ribosomal protein S3a
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S3a-like [Solanum lycopersicum]	67%	3,00E-133	90%	<i>Solanum lycopersicum</i>	40S ribosomal protein S3a
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S3a-like [Cucumis sativus] >ref XP_004153483.1  PREDICTED: 40S ribosomal protein S3a-like [Cucumis sativus]	67%	4,00E-133	89%	<i>Cucumis sativus</i>	40S ribosomal protein S3a
		40S ribosomal protein S3a [Medicago truncatula] >gb AES85334.1  40S ribosomal protein S3a [Medicago truncatula]	67%	2,00E-131	88%	<i>Medicago truncatula</i>	40S ribosomal protein S3a
		ribosomal protein S3Ae isoform 2 [Theobroma cacao]	67%	3,00E-131	89%	<i>Theobroma cacao</i>	ribosomal protein S3a
		ribosomal protein S3a [Populus trichocarpa] >gb ABK93373.1  unknown [Populus trichocarpa] >gb ABK93864.1  unknown [Populus trichocarpa]	67%	3,00E-131	88%	<i>Populus trichocarpa</i>	ribosomal protein S3a
		PREDICTED: 40S ribosomal protein S3a-1 [Vitis vinifera] >sp A5B4K1.1 RS3A1_VITVI RecName: Full=40S ribosomal protein S3a-1 >emb CAN67522.1  hypothetical protein VITISV_020206 [Vitis vinifera] >emb CBI26295.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]	67%	1,00E-130	87%	<i>Vitis vinifera</i>	40S ribosomal protein S3a
		hypothetical protein CICLE_v10012508mg [Citrus clementina]	67%	1,00E-124	84%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		40S ribosomal protein S3a-2 [Arabidopsis thaliana]	67%	1,00E-123	83%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	40S ribosomal protein S3a

**Πίνακας 74. Συνέχεια**

Αρ. αρθρίδας	Μήκος αλληλουχίας (bp)	Αλληλουχίες της Γράσεζας Γονιδίων που προσέκωσαν με το πρόγραμμα BLAST x	Ποσοστό "κάλυψης" ομόλογης αλληλουχίας (%)	E value	Ομοιότητα (Identity) (%)	Οργανισμός	Χαρακτηρισμός γονιδίου ή οργάνου όπου δόρα ή άλλη πληροφορίες
		hypothetical protein PRUPE_ppa010179mg [Prunus persical]	67%	1,00E-122	86%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
190	651	PREDICTED: RNA-binding protein NOBI-like [Vitis vinifera]	98%	4,00E-89	67%	<i>Vitis vinifera</i>	RNA-binding protein NOB
		PREDICTED: RNA-binding protein NOBI-like [Solanum tuberosum]	82%	3,00E-86	72%	<i>Solanum tuberosum</i>	RNA-binding protein NOB
		RNA-binding protein nob1, putative isoform 3 [Theobroma cacao]	81%	5,00E-84	75%	<i>Theobroma cacao</i>	RNA-binding protein NOB
		hypothetical protein PRUPE_ppa016934mg [Prunus persical]	81%	2,00E-81	71%	<i>Prunus persica</i>	hypothetical protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC100785714 [Glycine max]	82%	2,00E-80	70%	<i>Glycine max</i>	uncharacterized protein
		PREDICTED: uncharacterized protein LOC101252008 [Solanum lycopersicum]	82%	3,00E-80	69%	<i>Solanum lycopersicum</i>	uncharacterized protein
		RNA-binding protein NOBI [Arabidopsis thaliana]	80%	1,00E-79	70%	<i>Arabidopsis thaliana</i>	RNA-binding protein NOB
		hypothetical protein CICLE_v10019281mg [Citrus clementina]	99%	3,00E-79	60%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein
		RNA-binding protein NOBI [Medicago truncatula]	78%	3,00E-77	69%	<i>Medicago truncatula</i>	RNA-binding protein NOB
		>gb AET05010.1  RNA-binding protein NOBI [Medicago truncatula]					
		PREDICTED: RNA-binding protein NOBI-like isoform XI [Cicer arietinum]	78%	1,00E-74	68%	<i>Cicer arietinum</i>	RNA-binding protein NOB
		PREDICTED: RNA-binding protein NOBI-like [Cucumis sativus]	81%	2,00E-72	68%	<i>Cucumis sativus</i>	RNA-binding protein NOB
191	570	PREDICTED: NAC domain-containing protein 72 [Vitis vinifera]	26%	1,00E-06	64%	<i>Vitis vinifera</i>	NAC domain-containing protein
		>emb CB120350.3  unnamed protein product [Vitis vinifera]					
		NAC domain transcriptional regulator superfamily protein isoform 2 [Theobroma cacao]	26%	2,00E-06	60%	<i>Theobroma cacao</i>	NAC domain transcriptional regulator
		NAC domain protein NAC4 [Gossypium hirsutum]	26%	4,00E-06	64%	<i>Gossypium hirsutum</i>	NAC domain protein
		>gb AC115350.1  NAC domain protein NAC4 [Gossypium hirsutum]					
		hypothetical protein CICLE_v10008812mg [Citrus clementina]	26%	2,00E-04	50%	<i>Citrus clementina</i>	hypothetical protein

# Παράρτημα Δ

## Αλληλουχίες καθαρών ενθεμάτων cDNA μοσχευμάτων ελιάς

**Πίνακας 75.** Αλληλουχίες που αποκτήθηκαν από την αφαιρετική cDNA βιβλιοθήκη ‘Arbequina’ – ‘Καλαμών’.

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
1	987	ACATGGGTGGAGAAGAGGTTGCTGCAAAATAAACAGACTCTTAAAAAGTGTTACAAACTA CATTGGTGATGTGATTTGCAAACGTGCAGAACGAGGATATAAATATGGTGTGATACTT ATCCCAGAGGGGCTTATTGATTTCAATCCGGAGGTCCAGCATCTCATTGCAGAACTGA ATGAAATATTGGCTCACGAAACTGTGGATGAAGCTGGTCTTTGGAAAAAGAACTTGG ACCCCAATCTCTCAGCTTTTGAACCTTTACCTCCAGCAATCCAGGATCAATTGATGC TTGAGAGAGATCCACATGGAAATGTCCAGGTTGCCAAAATTGAGACAGAGAAAAATGC TCATTCAAATGGTTGAAACTGAGTTGGAGCTAAGGAAGCAAGCAGGTCTATATAAAGG CCATTTCAAAGGACAGTCGCACCTTTTTCGGATATGAAGGAAGATGTGGTTTACCATCTA ATTTGATGCCACGTATTGTTATGCTTTGGGTTTTGCTGCTGGAGCACTACTCGAAAGT GGAAAGACAGGATTGATATCATCGGTGGGAAACTTGACTGCTCCAGTTGAAGAATGGA CTGTTGGTGGAACAGCATTGACGCTTTTGTGATGGATGTTGAAAGGAGACATGGGAAGTT CAAGCCTGTGATTAAGAAGGCAATGGTCGAGCTTGAAGGTGCCCCGTTCAAGAAATTT TCCTCATTGCGGGAAGAATGGGCTCTTAACAACCTATATATTAATCCTGGTCCCATTCA ATTTGTTGGCCAGCATCTTATAAATGTAATCACACCTTACTGTTGGAGCTTGGAGCTC AAGCATAAACTTCTACGTGGGAGAAAAATTGCTCGAGCAATTGAGTTTCATGGCCTCTG GGATGGTGAATTACCAGACATTTCTTTTATTCTGATTTGGTTTATCACCCATTAGCTA TTTAACTTCGAATGCTACTCCTAAGTTTGTCTTTTGTGATTGAACACTAGT
7	1.099	ACATGGGGACCAAGAAGATCATCGCAATGGGGCATATGACTTCACTAGAGCTGCACT TAGGACATCGTTTCTCGCTTCTGTGTTTTCAGCTTGCCAGAGCAGAACAGTGAGCCTGG CAGATACTGTAACTGTGATGGCACAGAGGTTGCATGAACGACTACAGGAATGCAATGG AGATGAAGTTCTGAAGGCAGAAGCTGGTGCCAAGGTTTCAGAAAATCACTGAGTGGGCC CTTAAATGTATAAGTTTCCACTCTCGTTGCCTGGGAAATAGAGACAGAGTGGACTGCA ACTCTGCCATCGAGATCCAGTCACAATTATCAGCTTTCAGACCTTTCTAGATCTTGCT GGAAAACCATCTTACGGGGAAGGATTTTGCAGAAGCATTGATGCAGCTTGTCTCCAC TTACACTTTTCTCTAGTTCAATTGATCCTGGTTGGGCTCTGGTATATCAGCAACTGCTA TCCAAGGATTGCTAGGCATGCTGGTTGAAGGTGGTGCAGACAATGTCAACCAATGTTT TCTTGAAGCTTACGATTTGGGAGCACAGAGCTTGTTCGCATCTTATTGCAGATTGCTC AGAGAAAACAGCTTGGATGTTGATGTTGACCTAGCCTTGGGTTTTGCTTCCCACTATGGT AAAAATTGGCACTATGGAATGTCTAGTGAGGAGGGAAATGCCATGGCTTTCTTGGGGC CTTTGATGAGAGCTGCTGAGAGGGGTTGCAAGCCAGTTGTTGAGTGGTTTCGTTCAAAG GGGTTGCCGGGACATGGAAATATGTCTTGCCCTTACAGCTGCCACCTCCAGCAGTCAA GTAGATATTGCAGAAATATCTTCTCCACATGTTCCACAGCATGTTCTTGTCTGCACTCAG CATTGAAATCTCAAGACTGCAGGTGAACGAAGCGCGGATCTCTTGTGATGGAGTGGCA TTTCTCCTGCGTTTCAAGACTTTTATAGGTGATCCTGTAGTACTTACGCAGTTGCTGACAG CATTGCTAGATCTGACGACGAGGCTTGTGCTCCCAATCTCAAGGCTTTTCTTCAAGAGC ATTGGTCAGAGGCGGCTTTTTTGGATGGACTGAGACAAGGTGAAGT

Πίνακας 75. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
4	850	<p>ACAAAAGGAAATTATACCTTTCCATCGTCGCTATTGCTTCCCCTCTTCCCATTTC AATG  ATACAAATGCCTCAGTTAGTTTCACAGGAAGACTCAGAAAGTTTAGGAAATAAAGACTA  CCCTGTTGACGTCCTAAAAATGTGACGAATATGTATCTCTTACAACCTCCATCAATT  CAATCCCTTGTGCTAATTTTCTTGTGATGGGTCTCAAAAATCAGCGTTTACTAGCAAGT  GTGAATAACATAACCTTCGTGCAGCCTAGCATTGCCATTCTTCAAGCTTACTATCAGCG  GATCAGAAATGTCTTCGGTGATGACTTTCCTAGCGATCCCCATTTACTTACAATTATA  CTGCACAGTTTGTCCCTCAAGCCCTATGGAGGCCTCGAAATGGCACAGAAGTAAGAGT  TCTTGACTATAATTCTACAGTGGAGATTGTTTCCAGGGAACAAACACAGTTGCAGGA  ATAGATCATCCTATGCACTTACATGGACAGAGTTTTATGTAGTTGGGTGGGGATTGG  AACTTCGATAGAGACAGAGATCCATTGAATTATAATCTTGTGCGACCCTCCTCTAATGA  ATACAATTGCAGTTCCTATAAATGGTTGGACAACAGTAAGATTCAAAGCAAGTAATCC  TGGAGTTTGGTTGTTGCATTGCCATTTAGAGCGCCATATAAGTTGGGGAATGGAGATG  GCATTCATTACCAAAGATGGCAAGGGAAGAGGCTAAAATGTTGCCTCCACCTCCAG  ATATGCCTCCATGTTGATGCCACGGCAAATGCAAGTTTACATTTCTACCGACGATATA  TATACATCAAGTGTAGCCGATGAGCTTGT</p>
10	976	<p>ACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATAGAGAAGGTAATAAGGCTTTAGGAAAAATAACCAC  AAGCTGAGTTAGAAAATGCAGAAAAACATACAATTTCTATAATACAGAGCAACCAAT  GTAATCGCTGTGCAATGATGTCTGACCTCGTCCGGGTTTGACAAAGCAAAAATGAAAAA  GAAAAGAAAAACAAGTAGCTTTTATTTGAATGCAGCTAAAAAATATTGTGAAAAAGA  AACCTGGGAAACCAAGCAGCCCTTATTATTTATCCAAAAAACATGCTTGATTTGTCC  ATTTAAGACAATTTGATCAGAAATAACAAGAAAAAGGGGGCCACGATTAACCTT  AGCTGTCCAAGCTGTGAGGTTCCCGCAGGAATCGCTCCATCTGGCGTGCCTACTCTTT  ATGGACATGTTGAAAACTTTTTGTCCGAATCCAGCATAAGCCACCAAGAATACTGG  GATCAATCTCTGTTCACCTTAACCTTCTTCCCTGACCAATCATAACCTGCAATGTTT  CTTCTAGTTCTTCTCCTCTTCTTGTAGGTTAGAGGAATCAGGATGTTACAATGACTT  ACTTCTCCCTGTGTGCCATGGTCTGAGTCAAGTAAATCTCTGCGCTATGCGCTCTAAATG  TGACAGCCTCCAGATTACGCAACAACAGCCAAGAAGTTCTTCGTGATATCAGAAAAAT  TTAGCTTGAGTACGACGCCCTGAAAAGTCTGGTGGCTCATCTCTGGAATTTGTTGTAT  CCGAGAGTGGTTGGCCTTCGGCTGGAGGACGAGACGCGTCCATTTGATAACGCAAGGAC  CTATAACACGAATTTGGTGAACGTGTAAGAGACAGGAACCCCAAAGAGGCCTGGAAG  AGCAATAGAAGCTTACATTTTGTCTATGTTTGTGATGAAGATCAGAAAGCCCCGAATAT  GAGAAATTTTTCGGGCTCTTTCGACCAAACAACAAGCTAAGT</p>
16	1.234	<p>ACATGGGGATTACGGCCGGGCAAATACTCCTCGGCCACTGCAGCCAATCAGATTTTC  GCACATGGCGGCCAAAATGTTGATTTCGACTGATGATCGTATTTCCTCGGATTTCATCTT  CCATTCGGGTATACCCGATTTCCCAAACCTGGGATAATGTTTCAGGATATAACGACT  TTGCTCCTTGATCCCAAGGCATTTAAGGACACGATCGATTTGTTTGTGAGAGATACAA  GGACAAAATATTAATGTTGTTGCAGGCATCGAGGCTAGAGGTTTCATATTTGGGCCT  CCAATTGCATTGGCTATCGGGGCCAAAATTTGTTCCCATGAGAAAAGCCTAAGAAGTTAC  CTGGTATAGCTCTCTGCTTCTATCTTCTGCTGGTTGGCCATTTTCATGGTTACTGTTAT  TTTTACAGTATATTTGAATCTTCATGATGTGTTCTGTTGTGCAAGAATATGATGCACG  TTTTATCCTAATTAGCATTTTTTGAAAAATCTATTATTAGAAGTTTGACATGCATGATGAT  CGAAAATCAACTGCACTATATCTTATGACATGTCAGAGGTTTTCTTTTGTAGCTGAGT  AACAAATTTTCTGAATTTGAATTTCCCAAATTTCTAGAAAATAACAGCAGCATAATCTA  AGCCTTGTCCCAATAACTTTGGAGAAGTTGGCAGCATGAATCCTTTTTCTCCACTCTA  TTATGTATGACCTTGTGAAAAAATACTGAATTATAGCTTACCAATTTAGATAAAAAGTTT  TGAAAAATGTAGAATCTGGTTATGAGATGCATAGTATTATATCTGGACTGGAACCTGTT  GAACCAGATCCTAGATTGATGAATTTGGTTCATTAAACCTGCTGAGTTTTTCAAACCTTA  CTGAATGATTGAGATGTTTGTATCCGAAGGCCTTTGGAATTTATGCCAGCAATCTCC  CACTAGACTAGTCCATATATTTCAAATTTCTACTATAATACACTCATAATGAATTAGA  TGTAATAACCATCTAAAATAATTGCAATAACAAAGTAATTTTATTTTTTATTTATTTAT  TTTTAAAGGCATAGCATAGTATATAAAAAGTTTAAATTTGGTAATCAAATTTTTTTTAT  TATCAAGTAAATAATAATTACTTGTAAATTTCCACACAAAGGAAAAATGAATTTTGTATA  GATAAGCATATGAAAAATGAAGAGAACACTTGTGTTCTAAGTAATTTATAAAGT</p>

**Πίνακας 75. Συνέχεια**

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
17	1.183	ACTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGCAATGGAAACCAATCTAAGAATTATTGG AAAAAAAAAAATTTCTCTTTCATTGATAATTTTCATGGAAAACAAAGCCAAACGAACAC TAAAAAATAGATGATTTTCTTGAATTAATTTAATTTAGTTTTTTTTTATTTTTATTTTTTTG CTTTTTGGCAATGGAAACCAATGTCATCCTCAATACCAGTAAATTTCTATCTTTAAATTG AAAATTTTCATGCAAAAACAAAGTCAAACGAACATCAAAAAATACTTTTATTTCACAT TTTTCACGTGAAAAATTATAACCAATCAAAGACAATAATTTACAATTTCCAGAAAAACA ATTCTAGGTAATTCAATTTCCAGAAATTCGTCTCCACCTAATTTCAATTTTATCTTTTGCA ATCAAACGGACCTAAGTTCGCGACTACGAAGAATCAAAAATACAATATTAATAATTTCCA TCCAACCAAACATCAACTTTTAAGTTTAAAGCAGATTTGCGATAGTAGCATGTAATAG CACTTTTTAAACGCAGAAATGAAAAACGGCAATTTAACTCTATTAATATCAGT ATATCAGCAAAATTA AAAAAGTTCACGAACTGACCAGTGGATATTATTAACCTTTATGA AGATGCGCGCCTGCCCTCGCAGCCTGGAGCCTCATCAAAATTTCTGGAAGGATACTTG GCGGAGAGCACACCGACCTCAAAGACCAAATCCTGACCATTGATCTGATACCGGTGA TACCCACCATTTGAAGAATGCCCTGACCCTGATCCCGTCAATTTCCGCGATGCGACTA TCCACGATTTTTCCAGTAATTTCTTGGAAATAGGTGGCTAGGTAGTTATCGGGAGGCAG CGTCACGCGACATGTGTCCCCAGCATGACCAAGAAGCGGCCGGAAGTGTGATTAAGA GATAACGACTGCACATCGGTCCGGAAGGAGTCCATGGGGAAATCCATACTTAATAAGCT CCTGATGGGCCTCCCGTCCAGATTTTCGATTGGACTTTAGGGTTGAGGTTGAAATT GACGATGAGAAGGAAAGTGAGACGAGAGAGAGACAGAGGAGGCACAAAATTTGAGG TTTTGCCATGGGATTGTGCGTTTTTCGTCTGTGTTTTCCCAAGTGTAAGGTTTGGTTTG GGACCCCATGT
18	1.016	ACTAAAAATGTAGTTGCTGCTGCAGCTGAGGCTGCTGAAGATGAGGAGCTTGCCGTTT TTTTGAACAAGATGACATGTTGACAAATGAAGCTCGTAGAAAGATCAGACGTGTCCGA CCCAACTTTGGGCATGGAAGCTGATGTAGGCGATGACTACATGCATCTCCCGGATCAC GGGTTACTACGTGAAGAGAGCAAGGATGTTTTAGATTCACAATATGAGCCATACAGAA GATATTTCTACAAGATCTCAACCAGCATGCTGCAGTTGTTCTTCAAGGAAGGTTGTA GATGTTGAGCTTGGAGACACAAGGTCTGTGGCTGAAGCAATTTGCTCGGACAAAAACAAG CTGAGTTGGCTAATGAAGTATCTGACGGGAATTTAGAAAAAGATCTCTCACACAGAAT ATCTCGAGTGGCCGAGACTGAGGATCTTCAGGGGCCTCGAGACCTTGCGGTTGCTCCC CTCTGTATTAAGGACCCTAGGGACTACTTCGACTCTCAGCAAGCTAATGCATTA AAAC CATTAGGAGATGCTGGTCTGGTGTAAAGACATTA AAAATTTAATGTAAGCTCAGTTGA AGCCTACGGTCTTTAAGGGAACCTATATCAGAGATTAGAGTCAAGGATTGAGTGAA CCAATCACAGATCCAGAAGTTGCCCTTAAGGTCTCAGTGGGTTGACGCAGAATATAT CAAGCACGAAATACCATCTTGGAAAGAGCCACACGAGAGCATATTGGATAGCTTGCC AAAGTTACTAAAAGAGGATCTTTTACATCATTGGACATCTATTTCAGGAATTATTGAAA CATTCTGGTCATCATATCCAATTACAACAAAAGTATCTTTATACAAAGGTAACCAGATT GAAAGATGCCATGTCACAAGTATATCCAAAGCTACAGGAAATTAAGGAATCTGTGCAG TCAGATTTCCGGCATCAAGTTTCTTACTTGTCCAACCAATGCTTCAGGCTTTAGATGC TGCCTTTGACACACTATGATGCAGATGT
21	1.020	ACATGGGGGGCAAAAATAATACAATGGCAGCAGGCTTAAAAACTTACAGTCTTTGCAC CTATTTGATCTTGAGTCTCACAGCATGTTCTGTGATGGCTTCTTCGTCTCTCAATC AATCAAAGGCGCCTACTGGCCTTCATGGGCGAAGAATTTCTCCATCTTCCATTGAGA CGTCGTTTTTACACACATATACTATGCATTTCTCATTCTAACAATGTAACATTTAAGT TTGACATAGAATACGCAACAGAGGTGGAGCTAGTGAATTTACGCTACTCTTTCATGC AAAGAAGCCACCTGTGAAGACACTCTTCTCCATTGGTGGGGCTGATGAAGGTCCAGTT TTCTTTGGACGAATGGCCTCGAGTCTTTCATTGCGTAAGAATTTTCATCGATTCAAGCAT AGAAGTGGCGAGAAAAATTCGGTTTTGATGGGATTGATCTCGATTGGGAATTTCTCAA ACGCCTAAGGACATGGA AAAACTTGGCCTATTTACTTGACGAATGGCGCTGGAGGTCC AGAAGGAAGCCAAAATCAGCAACCAGCCACCGCTCCTCTCACTGCCGCGCTATTT CTCCGCCAACTTCTTCTTTCCGGGACCTACAGATCATATCCTGCAACCTCCATCACA AAACTTAGACTGGATCAACGTAATGAATTAATGACTACCATGGCTCTTGGGATACCTTC CACCACAGGCGCCCAAGCTGCATTTTCGACTCCAAAACCAACAATAAGCACAAAGTTAC GGCCTGGGTTTATGGATCAAGTCAAGCGTCCCAAAGAGCAAAATGGTCAATGGGTTTGC CCTTATACGGAAGAACATGGAAGCTTAAGGACCCCAAATCACACGGTGTAGGAGCAC CGGCCATTGACGTAGGACCTGGTGTACAGGGAGCATTAACATTCGCTGAAAATAGTAAA ATTTAACAGAGATCATAAGGCCAAACTGGAGTATGATGCGGAGAGTGTATCCATGTAT TCAGTGGCTGATACTACCTGGATTGGGT



Πίνακας 75. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
25	1.129	ACACACTTGCTAGTTATAACTTCCAGGAAAGATGTGGGAACTTATCTTGGTTTTCCAGT TTTCGGGTTCACATCTATGAAGTTTCTATCCTGCAATGAGGCTTCAAGGTTCTTAACTA GTCAAGAAAAAAGGATGAAGCTTACTTTAAGACTCTGTTGAAAAATAGTGGAAATCAAC TCCAGGTTTATATTATCTTATGGGACTGATATCACACTCAACTTGCAGAGAAGGTTTA AGCTGGCAGAAGGGTGGATGAGTAGACCAGTTTGAAGCAGGCTGACCCACGATTGT TTGGAATAGAAATTTACTGGAGGGCTTATCGAGAACAAGCTTGATAAATTTATAATC CCTCTGTTACAAGGAAGCTTCCAGACTGGAGAAAATCAATCTGAAAAATTCCCCTGCTG TAATAACATTAATTTCCCGGAGATGCACACGGCTCTAGGGACGAGAATGTGGAGAAG AGGAGCCAATCTAGAAGGAGACTGCTAATTTTATAGAACTGAACAGCTGCTTGAA TTAGGAGGTTATATCTCTCTTTTCTGCAGGTTCCGGGTTCAATTCACACTGCTGTGGGA GCAAAATTGTGATTTGAGCTATAAACCCAGCCCTTAATATCATTAATCATGAGCAGACAT CAAAAGTTGTGGAGCAGCATTTAATGATCTATTGCAGAGATATGGAGAGTGTGTTGC AGTTGACCTGACAGATAAGCATGGCGATGAGGGTTTATGAGTATGGCTTATGCATCC GAAATGCAAAAGCTGCCAAATGTGAGATACGTCCCATTTGATTTCCACCATGCTTGCG GCAACACAACTTTGATAATTTACAACCTCTATATGATCAAATTCGGAAGACTTTGAG AAACAAGGATATTTCTTGTGATCCTGAAGGGAAGATTGTAGCCGAACAAGGAGGCA TAATTAGAAGTAACTGCATTGACTGTCTTGATCGAACAAATGTGACACAGAGCTTCTT GGCAAAAGAAATCTTGAACATTCAGCTGCAAGAATTTGGTGACTTTTCTCCAATTGAG ACCACTTCTACATTTGGTGAAGATTTTGAATTTTAAAGACTTTATGGGCGGAGCAAGG TGATGAGATAAGCCTTGAGT
29	850	ACAAAGGAAATTATACCTTCCATCGTCGCTATTGCTTCCCACTCTTCCCATTTTCAATG ATACAAATGCTTCAAGTTAGTTTACAGGAAGACTCAGAAAGTTTAGGAAATAAAGACTA CCCTGTTGACGTCCCTAAAAATGTGACGAATATGTATCTCTTTACAACCTCCATCAATT CAATCCCTTGTGCTAATTTTCTTGTGATGGGTCTCAAAATCAGCGTTTACTAGCAAGT GTGAATAACATAACCTTCGTGCAGCCTAGCATTGCCATTCTCAAGCTTACTATCAGCG GATCAGAAATGTCTTCGGTGATGACTTTCCCTAGCGATCCCCATTTACTTACAATTATA CTGCACAGTTTGTCCCTCAAGCCCTATGGAGGCCTCGAAATGGCACAGAAGTAAGAGT TCTTGACTATAATTTACAGTGGAGATTGTTTTCCAGGGAACAACAACAGTTGACAGGA ATAGATCATCTATGCATTACATGGACAGAGTTTTTATGATGATTTGGTGGGGAATTTGG AAACTTCGATAGAGACAGAGATCCATTGAATTATAATCTTGTGACCCCTCCTCAATGA ATACAATTGCAGTTCTATAAATGGTTGGACAACAGTAAGATTCAAAGCAAGTAATCC TGGAGTTTGGTTGTGCTTGCATTTAGAGCGCCATATAAGTTGGGGAATGGAGATG GCATTCAATACCAAGATGGCAAGGAAAAGAGGCTAAAATGTTGCCTCCACCTCCAG ATATGCCTCCATGTTGATGCCACGGCAAAATTGCAAGTTTACATTCTACCGACGATATA TATACATCAAGTGATGCCGATGAGCTTGT
31	226	ACGTGGGGATATCAAACCTCATATATTCAGGTTGCCAGTTTACAGAGATCAAGAAAC AAATATCAGAAATGTCGAGCACTGTTGGACAAGTCATAAAATGCAAAGCTGCGGTGGC GTGGGAAGCAGGAAAGCCACTAGTGATTGAGGAGGTGGAGGTGGCACCGCCGAGAA AATGGAAAGTTCGTCTGAAGGTCCTTCACTTCCCTCTGCCACACTGATGTGT
33	309	ACTGAACTGTTGATTAGGAAGCTGCCTTTCAGAGGCTTGTTCGAGAAATGCCCAGG ACTTCAAGACTGATCTGCGTTTCCAGAGCCATGCTGTTTTAGCACTTCAAGGAGGCTGCA GAGGCCTACCTTGTGGTCTTTTGGAGACACCAACCTGTGTGCTATCCATGCCAAGCG TGTCACTATCATGCCTAAGGACATCCAGCTGGCTCGCAGGATTAGGGGTGAGAGGGCT TAGATTGACTAGATTCTATTACTTAGGTCTGGTGGTGGTTCAGTTTATCTTCATAA AGAGTAGTAGATGTGT
36	410	ACCACACCACGGGGCGGATCGCCTGAATGCCGAGTCTTCTCTGCCGTCAACTCGAGC TCGTCGTCACTGCAAGAGTTGGCCAAAAACTGACTTTACTAAACAAGCGAGAAAAG CCCTTCTATCTTATTAGTCAAGCGCGCTAGCTGCAATCAAACCTAAAGCGCTAACGTCA AAGTGCTTCGAAAGGCGCGGCTACCTTATTACTGACAGCACAGCTACGTGCTGGCAC TCAATTAGTAGCGCTGGCACGTCACTCGGCTCCTCGGCTCACTTCCGTTGCAAAGACTT TCTCCTTAGGCGCATGTCTCGGCAACACAAAACGAGGGTTTCGCTCGTTATAGGACTTG ACCAAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAGCCATGCAACACCTGTATGAAAGTCAG T

Πίνακας 75. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
38	259	ACATGGGGGAGTCGGATATATCAATGTTGGAGCATAAGAAGAAAACAGAAGCAAGAGA AAACAGCCATGGAAGAAGAGATGGAGAACCTTGAGGAAATTGCAAGAGGATGAAGAG AGGGAGACTAAGGAGAGGGAGAAGAAAAAGAGGGTTAAGGAACAGCAGCAAGTTTC AATGCCCGACTGAAACGAGGCTCTTCTACTTATTGAGACCAAAGAACTTGGGTTA TAGATTTTATTTCTTTATGCCATTACTGT
41	373	ACATGGGGACTTCTTAACCGACTATTGCTTCTGTGCAAAAAAATCTTGATTTTGACAG ATCTTTCCGTGTGGAGAGCTAAAACTTTCAGTCATGCTGGTCTATCAGGATTTACTAA CAGGTGATGAACCTCTCTCGGACTCATTCCCTACAAGGAAATCCAAAATGGTGTCTC TGGGAGGTCGAGGGCAAGTGGGTTGTTACGGGAGCAGTCGATGTAGACATCGGTGCA AACCTTCTGCTGAAGGTGGTGTAGGATGAGGGTGTGACGACAAAGCTGTGAAGG TGGTTGACATTGTTGACACGTTCCAGGCTCCAGGAGCAACCTGCTTTTGACAAGAAGCA ATTTGTTACGTTTCATGAAGAGGT
43	418	ACATGGGAATCACCTATTGCAAGCTCAATTTGACATCTGATGGATCGGGGGCCCATC ATGGTTGGTTTTGTGAATATGTTTCAGGTGACTTCTACTGGGCCTCATAGAGGCTGCAGC CAATCCATTTTCTACGCGGATCAATGGTTGGCCAACGATACGCCGCCGTATCAATTGAC GACGGTCTTGTAGGGTGTGGATTGGTTGACCAGTTGAAATCTGGGCCTTTTGTGTGG CTAAGGGTAAGCCATTGGGTCAGCTTCGGAGTAATTTGGAAGGCCCAAAGGCAAGA AAAGTGTGAGCTTATTATTATCTTTTGTCTTTGGGAGAGAGATGTGGTGAGACTTCCCC CTTTTTTTAATTTCTTGTGAGTGAGAGCTTCTATCTACTTGTATCTAAAAATAAATTTGA ACGTAGT
45	309	ACTGAACGTGTGATTAGGAAGCTGCCTTTCCAGAGGCTTGTTCGAGAAATGCCCAGG ACTTCAAGACTGATCTGCGTTTCCAGAGCCATGCTGTTTTAGCACTTCAGGAGGCTGCA GAGGCCTACCTTGTGGTCTTTTTGAGGACACCAACCTGTGTGCTATCCATGCCAAGCG TGTCATATCATGCCTAAGGACATCCAGCTGGCTCGCAGGATTAGGGGTGAGAGGGCT TAGATTGACTAGATTCTATTACTTAGGTCTGGTGGTGGTTCAGTTTATCTTCATAA AGAGTAGTAGATGTGT
46	360	ACCGGCACCGAGAGTCCGATCGCCGACGCCATGGATTCCATCTCCGCGACGCCATAT TCGATTTCGATTCCGATTGGATTGGATTGTAACCTATTATCAGTATTGAGTCTGGTCTG CGGTTCAACTACTACTATTACTGGTTATAAATGGCCCAACAATCTAGATGTATTTATAT AAATAGCTCAACAATCTAGACGTATTTATTGAAAATGACAAAGGGATTGAAAGAATGG CAATGGATACAGGGATTTTCGAGCCAGACCCGAACCTAGGGAAAGACAAAAACTTGC GAGAAAATGATATCGAAAATTCAATAAAAAATAATTTTCTGAACAGACTTTTGGCTTTG ACCCCCATGT
47	262	ACTTGCCATCACTGAAAGTTGTCTTCTTGTATGCTTCCAAACCACCATCTCCTTGGATT GTCTCGATTTCTTGATGTGTGGATGGCTTTCGGCAAAACGTCGGCGTTTTCAATCAT CACAGCCCTGAACATCCTCTTGTGAGAAGCCTTAGCTTTGATTTTCATGAAAAAAGT AGATACCCATGTTTTTCGTTAATAGTGTAACCTAGGAAGACTCGAAGAAAAATGACGT GAATATAAATTGAGAGCTTGCCCATGT
48	316	ACTGAATTAATATGATAGTTTCTATTTAGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAG TACGAAGAGTATTATGTGGTGCTAGGTGGAACGATAGATGCAGCAGAAGGGGATGGA GGTCAGACAATGGGGATTGATGTTTTTGTCTGATGAGGAATATTGGACCAAGTTCA GGGCTTGTGGCTGGGTCCCATGAAGGGATTGAAGCAGTTTGAGGAATTTGCTTGACG GTGAAGACAAGTTGGCTGATGTCTTAAATTCTAAATTGAAGTGTCCAATTTGATTATGC AGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
49	257	ACGGCTTATTTATGAACAGCAATATTCTTATTATGTTTATATACTGATGAATCCACGC TCAAGTCACCCACCGACAACATATTAAAGGGGAAAAAAAAATTATAATTTCTACAAAA ATAACATCCAAAATAATTTAAAAAGTAAAAATCCTAATACAATAATTATGTTCTAAT TAAGGATAGACAATAAAGCCACGCTTAAGATAAGTGAGACTGTTGACACTGAATAACT AAACGCCGGTGTGATACTGCAGT
51	299	ACTACTACTGAATTTGGTTGTGGCTTTTGTATTGGAGGCATTTTTTGTGAAATGGATC TTGAAACTTCAGAGAAATATGAAGATGCAATTGGCAAGGATGAAAGTCTGGATGAAA GTCAAAAGGAGCAACGACGACGTAATATGGGCATGAAGGTGCGGAGACACAGTTTTG ATATGCTTCCGCGTATGTTGAGTGTGAGCTGAGGAAGACAGAGTGTCTTCCCCG TAAACTTGTGAATCTACAAGGCAAAAGGTAGCGTGGAAGGGAATGCAAAAGGGTCTG CCTAATTAGT

Πίνακας 75. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
53	147	ACTCTGATTGGAAACGCGAATTTTCCTTCATCCTTGATTGGCTATTTGTTCTGGTGTGT TTATATGGGACACTAGGAATAATTGGAGTGAATCTGATACTATTAGCTGGGCACTAG ATACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
65	594	CTTCATTTGGGATCAGCGGGAGGTGCAAATCCTGAAATTCAAATAGGAGATGTTACAG TCCCGCACTATTGGGCTCATACTGGCCTCTGGAATTGGCAGAGGTTTGGAGATGGACC CCAAGATGAACTTGCATTTGAATCCAATGGAGACTACACTAGAAAATACGGTTATCTT AGGTTGCGCCGATTATCAAGTTCGCAAAGAAGGTGAGAAATCTTCAGACAATTATCTCA ACAGAGTGTGGTATCAACCGGAAGAGATATTTACGGTGACGGGAGAACCTGAGATTAG AGAGCATGCCTTTTGGGTTCTATTGACAAACACTACTATTCACTTGCAAAGAATCTTG AGAATATTGTCTCGAAAGGTGTATCAATTCTAGTTTGTGTTTACCTCGACCTGCAAAG GTAGTTAGAGTGCGAAGAGGGCGTGAGTGTCAATGTCTTTGTAGACAAATGCTGCCTATC GGGAGTCTTGAATTCTAAGTTC AAGGCAACTCCAGTGGACATGGAAGTGTCTGCAGT AGCCCTTGATGTGCGCCAACGAAGACGCCTTTATAGCAATAAGGGCAATTTCCAAC TTAGCTGGTGGT
66	688	ACTAATTAATCAAAAACCAAAGCCTCATCAATATCTCACTCAGTCTTCAACACGAAAC AGGACTACACAAAATATCCATAAAAAGAACAAGCAATAGAATCACAATTCACAAAT AACAGCATTTAAATATAAATCCAATAAGAAACCAGAGCACCATAAGCGGAAACAAAA CAATTCCAATGAACGAAAAATATAAATATTAGATAATGTATCCAAAAATGCTCTTTCTAC AACGAAACAAAAAGGAAAAACAATATCCAAAAACATAGCAGAAAAATTCAGTAAATAAAA CATAACAATACTAACAATAATCTCAAAAAGACAAAAGTGGTAATATCAATAACAAAGG CAGCGACACTACCGACATTTCAACGGTAAGACTTCTGGAATCTAGCACGAGCACCAG ACCCCCAAACTTCTTCGGCTCGCAGCGCCTAGGATCAGCCACCAAAAAGGGTCTATCG TACACCGCCGATTTGTGCGAAAAATATATCAGAGAGAAGGGTCTATCTCTGTGTTCT TTCTGGAGGTAGCCTAATCGATACAATGAGGAAACTGGTGGAGTCTCCTTACAAAGAA TCAGTTGATTGGTCGAAATGGCTCATCTTTGGGTGGATGAGAGGGTGGTTCCTTTGAC TAGTGATGACAGTAATTATAAACTTGCCTATGATGGTTTTCTTTCAAAGGT
67	616	ACCGGGAGAGGCATCATGAATACGTGTCTTCTTGCTACCTTGCACCAACCAGCACCT TGCCAGTTGAAGGCGCCACAACCTCCAGAAAATTTGTTTGTATTCCAGATTTAAGTAA ACTTGTCCGTCTCTTGCTGGATCAGCAAAATAGACAATCTATTGTTGGTGCACCAGGCA ATGTGACGGAAGAACTGATCCATCAGGAAGCACCACCTTTTGAAGCTCGAAGT GTGGTTACCTGGCTTGTCACTAACATAAATTGCGCATCCTCCGATGGCTCGTGTGCAG CATGATACTCAGCAGTTGGGTGTAGACTGTGGAACATGTCCCAATCAGGTTGCATAAA TTCTCCCAAAAAATAGAAATTGTAAGCCACGGAAGAAATGTGGATGGTATGAGAAGCA GGATCACGAGGGTAATAATCATCCGAAGCTCTAACAACCTGCAGTCTGCTTGGCACTAT ATATTCCATCAGTGTATGACACATGCAAGCAATGCATACATTCTCCGAAAAATTCCTT GCAATAGAAGCTTCAAGGGCCTGATGGTAGCTACGAGTTAGAGGAACTCTACCACCGT GGCCAGCACAAGAGTTTCGATGATGTTCTGT
71	565	ACATGGGGAGTCCAGTTTGTCTATCGCAAAGAAATGGCTTTTATGATATCCAAAACCCAG CCATCTTTCTCTGAATCAGAAAAGGTGACTGAGGAGGCTGAAACCCTGGATTCACTCA CCACCCAGCTCTTTCTCAAATCATCCTCGTCTCGACGTTCAAGCCAAAGACTCGACAAA GACGTGCTCCTCAGGCGTTTACGGTTCATAAAGACATTGAACAAGGTTAAGAACA TCCAGGCAATTCGAGCACCAGAGAACGCTGGTAAAGTATCAGATTATAACGAGAAAT GGCTCAAACAGGGAGATAATTTCTCCTGACCCTGGCTCTGGTGTGACTGGAATATG GTGGCTGTTGGCGCTAGAAGTGGTGTGTTGGGGGAGAAGGTTTGTCTGATTGGCCCT AGAAGACTTTTTAGATAGGCTTTATCTCAGTGAAATGACTGCCATAGAAAATCCCAAGT ATGAGTCCCAGGCATTTGTATGTATTCCTAAGTTGTCTTATTGAAATAAATTAAGTTG ATTTGTTACTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT

Πίνακας 75. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
73	830	ACATCAAAAAAATGAGTGCAGCAAGAAAAGCATGGATTGTGGCAGCAAGCATTGGAG CAGTTGAGGCACTGAAAAGATCAAGGAGTTTGCAGATGGAATTATCCTTTAAGATTACT TCATAATCAAGCCAAGAAGAATCTCAAATCCTATTATCAGACTCAAATCTACCTCCA GCTGGAAAAATTTCTTCTTCTGCTGCTACTGCTGTTGTTGGGAAGATGAAGAGAAGCGA AAAAATCTATGGAAAAAGTGATGGATTGAGCTGTTGGGGTCCCAATACTGTTAGATTTC TAAGAATTATTAGGTTCCAGTTTATGCATGCATATGATGGCTGATGATAGATTTGTAAT TTTGAGATAAAATATTTCTTTATTTTATGGGTTTCATTTTATTTAACATATGATTATTGA TACTTTTGAAACAATAAGCTTTGTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGTACAT CCAAGTTTAAATTGAAAAGAAAAGATTCAAAATTACAAAAACCAACTTTTTTCTTG TTCAAGGACAAAAGCTTTCAACGAGCATAGAAAAGCTGAAGCCTCGGAACACATCAAAG CTAGCTGCACCTTATCTTTCATGGCTTAGCCAAGCTTGCTGACTGCCAGAGAGTTGAG CTCCTTTCATCTGCATCAACTAGCTGGGCTAGCCTCCTTTTCGTGACTTGTTTTGACTGAG CCATCTTGACCCTTGTTCCGACAGCTTGGCTAGCTCGCTATTCCACATGTCCACAAGCCC AGACATTTTGTATCTCAGTTCTTTGTATGGGATAAATTTGTTGATGATACTTCGGTTTGA GATCCCATGT
78	610	ACTGGAGGCACAATCACTGGTGCAGGAAAAGTTTCTTAAGGAGCAGAACCCTGATATAA AGCTGTATGGTGTGGAACCAGTTGAAAAGTCTGTTCTTTCTGGTGGAAAACCTGGTCCG CATAAGATTCAAGGAATTGGTGTGGTTTTATTCTGGTGTTTTAGAGGTTGATCTTAT TGATGAAGTAATTCAAATTTCAAGTGATGAAGCCATAGAAAAGCTGAAAGCTTCTTGCA TTGAAAGAAGGGTTGCTAGTGGGAATATCATCTGGTGTGCTACTGCTGCTGCAATTA GGATTGCAAAGCGGCCAGAGTATGCTGGAAAAGCTGTTGTTGTTGATTTCCTCAAGTTT GGTGAGCGGTATCTTCTCTGTGCTTTTGAATCCGTGAGGCGAGAGGCAGAGGACA TGACATTCGAGTAAACGCTTTGCTGGCTTTCGATCCCTCCCGTGTTTTGTAGCAAGAC CATACGTGCCAAACCCCATTTCAAGTTTCTTCAAATATTTAGATGACATTTGTTGAAAAT AATTTACTTCTGTGTTACTTGGTTCAATAAAAATGTGTCTTAATTTTTTCAAAAAAAA AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
79	715	ACATGGGGGTAGTAGGTGCAAAATGATGAGTCTCAAACGCCAACTCTTCTCACTGATT TACTCACTTTCTTCTCTCAGCTCTTGTGCGGATTCATCTCATAAGTGTGTATACACAC TCTACGTTCAAACAGGCTCAGTCGTAAGGGCCGGAACAGACTCCAAAATCAGTGTCTGT GTTGGGCGATCCAAAAGGAAAATCTGTTTCGATTCCATAATTGAAAGGAATGGGGCCTG ATGGGTGCAAAACCATGACTATTTGCAAAAGGGTAATTTGGACGTTTTCACTGGTTCGAG GCCATGTATTGAATCACCTATTTGCAAGCTCAATTTGACATCTGATGGATCGGGGGCC CATCATGGTTGGTTTTGTGAGTATGTTCAAGGTGACTTCTACTGGGCCTCATAGAGGGTG CAGCCAATCCATTTTCTACGTGGATCAATGGTTGGCCAACGATACGCCGCCCTATCAAT TGACGACGGTCTTGTATGGGTGTGGATTGGTTGACCAGTTGAAATCTGGGCCTTTTGT GTGGCTAAGGGTAAGCCATTGGGTCAGCTTCGGAGTAATTTGGAAGGCCCAAAGGCA AGAAAAGTGTGAGCTTATTATATCTTTTGTCTTTTGGGAGAGAGATGTGGTGAGACTTC CCCTTTTTTTAAATTTCTTGTGAGTGAGAGCTTCTATCTACTTGTATCTAAAATAAATT TGAACGTAGT
81	510	ACTAGATTTACCATATCTTTGTGCAATGGACAGAACGGGGCGTTATGCCTGGGAAGAT CATCGTCTCCATCAGGTGCTTGGAAAGGAACTAGCGGTGGAGAAGTCAATATCCTTCA GTGGCTGCGACGATGATCAAACCTCTGCTGATACTGCTGCTATCCAAGGTTACTTCA ACAGGGGCAATGACTTATGCTTTTATCCAAGCAATCGAACGCGGGCAAGGAACTACAT ACGAAGTATTCTAAGTGCAATGCGATCTACCATCCGAAAGACTGATGATGAGATAGGA GGGAGCGTTGTACAACGCTCCTCAAAATGCTCCTGACCGGGGAAGTGCTGGTATCG GAATGTACAGGAACCACAACCTACTGCTAATGAACATTTGATGTATACACGAAGCC ATTTTCACTATGAGTTAAGCATACAGAGGACCCGTTTCTGCAGCAAAAAAATGAAGTGC CGAGCTAGCTTCTGGCTTCTAAAGCTATTTAGAAGCATGAAAATGT

Πίνακας 75. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
88	742	ACATGGGGATGTAGAAGAAGTGAGAAAAATCTCTCAAAAAATAGAGAGAGTGTGTTG TAGCAACTCCTTTGTAATTCCTCAAATTCATAAGAAAAATTCATATTTCTCTTAGCTA TTTCCTTCTACATCCAACAAGAGCACCATCAAAGCACAAGGCAGGATCGACCTGAATC AGAACACTGAAATTTTGATCCAAAACTGCACCATTTTGCCTGCAGGCAATCTCACTGG AGTCAACACATTCCTTGGGGAGGCCCTGGAAAAAATTACTCCACTACTGTTTATATGCATA GCACGATGGGAAAATTCATTCCTTCCAAAAGGGGTGGTAGCCATGGGTAGGCACAAGTGC ATCAGATACCATAATTTATGCTGAATTCAGAACTTTGGCCCCGGAGCTGTGTCCAGAA ATAGGGTCTATTGGACAGGATCGAAGCTTAATATTACTACCAAGCAGGCTGAAAAGTT TACAGTTAATTCATTAATTCATGGGCAGAAATGGCTTCCAGATGCAGGTTTTTGTCTCA AATCTGGTCTTTGAGACTGACACTTGCAAGCTTTTGAAGTCTCCATGTTAACATTTTT ATTTTATTTATTTGTATTGTCTTTTTTGTATCTCTTCTCTTTTTTCCACCATGTTAT ACTTGTAACCAGTTGATTAGAAAATCCAAATGATACAATTTTATCTGATTCACAATCTA AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
89	674	ACTGTTCAAGCAGACCTTTTCAGCCTCAAAGCCTAATGAGATCAAGGTTTTTTTCGAG GTTCCCAGCCAAACGTAGCATGAGGGCACCTCGGATGAGGCGGACTACTACCCTCCAT TCCCGTTTTGTTTCATGCTGTTGAGCTCTTGGGTGGCCATGAAAGAGCTACACCCAAGTC AGTTCTTGAGCTCATGGACGTTAAAAGATCTCACTTTGGCACATGTTAAGTCCCATTTAC AGCAGATGTATAGAACAGTGAAGTCAACTGACAGAGCATCAGCTACCTCGGGACGAT CGGACATGTTTCGAAAACGGGTCATCCGGGATACTTCGGAAGATTTACTGTTGGAGAT TCAGAGGAAGTCTGAATTTCACTTCAGCAAAAATAGGAATCAAGATAAGGACAGTCAT AACCTGTGGAGCAGCTCCTCAAGAGAAGCTTGGTTGCATGGCAAAAACAACGGAATGTG GAGGGAACAAAATGCCATACTCTCTTGAGAAGGATATGGAACCAAAGTGCTCAAGCT ATGAAAGAGTGTGAGAAATGAGCTCATCAAGTCTATCAGAGACGAGCACCAAAAGAGC CCAATTTGGAATTCACTTTGGGGAGGGCACAGTGAATCTACTCATTTTCAAATCATT TAATCTCTGACTGTAGCTGGTGAAGAGAATCAGGT
93	333	ACAGAAGGGGTGATGAGCTTGATTTGGGAGCTTCAGAGAGCAGCTTGTCTGTTACCGTA TACATAAGTAGATTGCTCGAATTATTTATGCTCAAATCTTCATTCGTTGGCTTGTGTTGA AGCTAAACCCACTCGGAGATTTTGCATTTCTGGATTGAATAGAAGTTCAAAGAAGTGG GTAATGGCGCCTCCGCCGATTCCTTGCTTTAGAAGTCCGTCGGAGACAGGGCGGGTTC TCAGTATTCAATCTCACACAGTTCAGGGATACGCTGGCAATAAATCAGCTGTCTTTCCT CTACAATTACTTGGCTATGACGTGGACCCCATCAATTCTGT



**Πίνακας 76. Συνέχεια**

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
100	1.097	ACATGGGGGACCACTACTCATTTCAGTCAAGATTATAGAAGATCTGCTGCAATAATATT TTTATTATTATACCTCACACACTGCCAGAAAAATGGTTCGTCCTCACGTCCTCCTCGTAA CCTTCCCTGCACAAGGGCATCTCAATCCACTGCTTACATTTGCCAAGACCCTTGTGAGA AATGGCATTGAAGTTACCTTTCAACTGGTTTATATGCCAGCAACGGATAGCCAAAG CTGCCGGCGATGTCACCAACGACATTACTTTTACGGCATTCTCTGATGATGGGTGCAAA CCCAGTGAAGATCACGATCAATACATGAAAGAGATCAGAAATCGCAGTTCCAACACTA TAAGGAAAACGATTCTCAGCAGTGCCGAGCAAGGCCGTCAGTTACGTGCCTAGTTTA TAGTCTCCTGCCCTCCATGGGTGTCAGCGGTGGCACGTGAAATGCATGTCCCGAGTGCT CTTCTGTGGATTGAGCCAACTGTGTTGGATATATACTACTATTATTTCATGGCTA TGGTGAAGAAATCACTAATTCGTCGGATGATCCTTCCCTGGAAAAATCCAGCTTCCSTAGA CTTCCATTGTAGCTAAACGTGATCTTCCCTCCTTGTGCTTCCCTCCGAGCAGCGATCA CAAAGTTTTTTCGGGTTTCTACGTGTAAGAGCATCTAGAAACATTAGATGTCAGAAACA AAGCCAAAAGTTCTTGTGAATTCATTTGATGCGCTAGAGCCTGATGACTTAAGGCGA TTGAACATTACGAGTTAATCGGGATTGGACCCTTAATTCCTTCTGCATTCTTGGGTGGT GAAGATCCATCTGATAAGTCTATTGGTGGTGTATCTTTTCATCAATCAGAGGATTATGT GCAATGGTTGAACTCCAAGCCCATTCTTCTGTTGTTTATCTGTCAATTTGGGACTATCT GAGGCTCCCGAAAAGTTCAACTTGAGGAGATTGCTAAAAGGATTACTCGAGTGTGGCCGA CCCTTCTGTGGGTCAATTCGAGTAAAAGAAAAACCCAGAAGAAGAAAAAGATGACGAT AAATAAGTTGTCTAGTAGAATTGGAAAAACTGGGAAAAATAGT
101	1.473	ACATGGGGGCTGCGGGAAAGGAAAGGAAAAAACGATGAAGATCATTTCGTCGAAATCTC GCACCCGATGGCCCGGCAGTGTAAAAATGGTCCAGAAAGAAGCAGATGATTGTGG ATGGCTTATAATCTGATTGCCGAGGGTGTATACCGTCTTAGCTGTACCCGTACGGAAG TTTAAGAGAAGCTGCTTCTGGAGGAAGAGATGCAGAAAGAGTAAAACTGAAATTGG AAATCAAAGTAGAGACTGTAGAGTATGACAAAAGAAGGATCTGTCTTACGTATACGTGG GAAGAATATTCTGAAAATGAATATGTGAAGATAGGGGCATTCCACACCTTAGAAATT GAGCTACACCGACCTTTGTGTTGAGGAAGGAGTTTGGGACTCACTGGCCTTGAGAG TGCTCCATCAAGCATCTGATCCTACTGCGAGTGTGTATCTGGCTGTTGTTCTGATGCAA GAAGGTCTAGCGCATATTTACTTGTGGAAAAAGTGTGACCACCACTCGTTCTCGCAT AGAGACTTCAATACCTCGCAAGCAGCAGCCTGGTATAGCAGGCTATGATAAAGCCTTG AGCAAGTTTTTGTATAATGTCTTACAGGCATTCCTTAAACACATTGATTCAAGGTGGT TCGTTGCGCTGTCAATTGCAAGTCCAGGGTTCACTAAGGATCAATTTACCAGCCTTAA TGTTGGAGGCAGAAAGGAAAACAATTAAGATCTATCATTGAGAACAAGTCGCGCATAAT TCTTGTGCATACAACCTCTGGATACAAACATAGCTTGAGAGAGGTGTTGGACGCTCCA AATGTTATGAATATGATAAAAAGATACTAAAGCTGCACAAGAGGTTCCGAGCACTTGAGG ATTTCTTACCATGCTTCAAATGATCCTGATCGTGCATGCTATGGACCAAAAGCACGTT GAAGTTGCCCATGAGCGGATGGCCATCCAGACACTTCTCATTACTGATGAGCTATTCA GGAGTTCAGATATAGCAACAAGGCAAAAAGTATGTCAACTTGGTCGATTCCGGTCAAGAA TTCAGGCGGCACTGCTCACATCTTCTCATCCATGCATGTTTCAGGAGAACAACCTGGCTC AGTTGACTGGTATTGCTGCAATTCTTCGTTTTCTCTTCCCTGATCTGGAAGACATAGAA ATGTAAGAATTTTCAGACTGAAGCTTATTAAGTAGGTTTTTCTCTCCACGTCGTGT TTCGTTAGTTAATTTAATTTATGATTATAAGTGTAAAGCAGTAAGCAATTGAGTACCCG TGTATTATATAGATAGTATGGTGTATTTAGAGACCACAGGTCATTGTTTCATCATCT CCACAATTGATATAGTGGTATGCGTTGAATAAACTGCCATAGTTTCCAATTTATCATA CTTTTGAACCTCTGAAGGAAATAAAAAGATGAAAGGTAGGCGCATCTATTCTTTCAAAAA AAAAAAAAAAAAAAGT

**Πίνακας 76. Συνέχεια**

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
103	1.183	ACATGGGGGGAGGAAAAGGAAGAGGAAAAATAAGCTGCACACCTGCACCAACTCTATG CACAAATCACTTTTCTACAATCTGTTGAAGGAAAAAGAAAGGAACATAAGAGATAG ACCCATATCAAGAAAAACAAAAATAAGTAAAAATGGTGTCTCCTTCATCTTCGACAAT CAGAACATTCGGTTCATTACTCTCCAGATTCTCAAATGGTGTCTCTCTTAAACCCTCAA ACTCCTTCACGATTCACGGAACGCGCTGTTAAGTAGAAAGCTGCAATCTTCTTCTTGC TACTCATCTTCTAGCTTATGGGTCTCCGTCTATGAGCTTCATTTCTGTCAATCCATTATA AAGATTGCGACTTTCCCTCTCTGTGTATGGGTAGACGTTCTGCAAAAATTGCTGGAAG AAAGACTGCCCAAGATGCTAAGAAGACGAAGCTGTATTGATAATTGGTAAGGAAGT CGTATCTGCGGTCAAGAAAGGTGGTCTAGTCCAGTATCGAATACAGCTTTGCTGCA TTGTTTGAGAAAAGCTAAGGAGCTCGATGTGCCTAAGGAAAATCATAGAGCGCAACATTA AGAGAGCTTCGGAGAAGGGACAGGAAGCTTATATTGAGAAAAGTATACGAGGTTTATG GCTATGGTGGAGTTGGCATAGTCTGAGGTGTGACGGATAACATACAGATCAGT GGCAGCTGTTAAAGAGGTAATGAAGGATTGTGGGGGAAAAATGGCAGATCCTGCATC CATCAGTTTCAATTTAAACGTGCTCGGGTCCGGAATGTAAGGTTAAGATGCTGATAGA GATCAGATTCTAGCTGTTGCTTTGGATGCTGACGCTGATGATGTCATTGAACCTCAGC GGACGAATATGATCCCGAGGGCGAAAGAAATGAAATGTATTGTAGAATAGTAACTTCAT CAGAGAGCTACCCACCATATTACAAAAGTTACGCGAGGAAGGAATACCATTGAACTT GACAATGGATTGAGCTTCTTCTCTTATTCCGATTGAGGTTGAAGATGAGGCGATGGA CTTGAACAAGGAATTGATGTCCAAATTTGCTCGAGCTTGAGATGTTGATGCGGTATATA CAGATCAAAGTGATATTACCCAACCTGGAAATGTCAGATCAGTGTCTGTTTTATCTTG TCAGCGACTCAGCATTCAATT
107	1.288	ACTTATGATTAACATCATTAAATAATTAATCTATGAGCATGAATCCGGACTTGGGTTTCC ATCTCAAACAACCAGCCAACCTGTTTAAAGTCGTCGTCGAAGCTCATATAAGTTTGATTA TTGTTTAGCCCTGCTCGGTGGGGATTAACAAACAGACTTTTAAATAGATATTAATAGAA GTTCTGAAATGTGTGGTTGAAAAGTTACTGATCTCATGAATTAATATATAGTTAAAT TAATTGTTATTTTGATTTAATTAATAATATGAAACGGGAATAATGTTTAAATAATATTG GATATTGCTCTTAATGTCTAATATCTTGCTAGATGTTCTGTTTGTGGATGCCAATCTTGA GGTAAACTATTCAAAATGTTGGTATGATTTCTTTGGGTCTAGCACCATTGAACTCT TTGCTCTCATCTGGAAAGATAATTGAGGCAAGAGGAGTATCGAAGTCTTATTACGTT GTTCTATTCATATATTGTGAGATTTAGTCTTGACAAGGCAACACTAAGTAATATATT TTTTTACCTCTCAAGCTAGCTTCTAATAGCAACTGTAATAATATCAAACTTCCACGTG ACTGTGTGTCGATACAAAGCAAGATTTATCACAAGCAAAATATAAATTGCGTTTTATTAC TGCCTTATTCTTTCAAATTTCTAAAAGAAATGTGATGTTTAAATAATCAATCTGCTTG GCAATTCAAATCAACATTTGATACAGAATATTTTAAACATTTGTTAAATTTATTTAACA GTTATCTCATTTTTCCGTCTATTGCATAATTATGCTTTTGAAGCAGAGTTTATTAAACAT TCATCCTGTTATATAGACATATCTGGCCTCGATACTTCTCTGTAATGTGATGAAAGT TGTAATAATCTCAAAGGTCATCTTGTGTTGAATTAGTTGAGGTTTATAGTGTCTAGTCT TCTAGATAGTTGTTACTTGGTGTGAGCAAGGGCATCGTCGGGTCACCAAGGCTACATGA TGGTAACTGTTGCTACTGGTTGCTGGTAATAATGAGTCTCCTGAAAGTACTATGCTTG ATGGCCATTTCAATCACTCTTTGATATATGTTGCTGCTGCTATTAGTGCATTAATTGCT GCTGCTGCTGCTAGCTGTTATTGTGCCATATACAGTCACTAGTTGTCATTGATTGCTGC TGCCCTTACCATATAAGTTCCCTGCCTTCTGCTGCTGTTGCTACTGTTTCTGGATAG GCTGGAAGTATTAGCTTGGCATTTCAGATTGTTGCCTTCCCTGGT



Πίνακας 76. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
108	1.029	<p>ACCCAATTTAAAAACAATTGTTGAGTATGCTCCTTCACAGCGTGTTCCAAAGCAGTGGTC  TAAAAAGGATGGGCGCGAAGGGACCATATTGAAAAGATCCTGAATATCAGGAGTTCCTT  GAATTTATTGCAAAGCCTGTAGAGAATCTTCCAAGTGCAGAGATACAGTTGGAGAGGA  AGGAGTCGGAACGAGCTGGTGCTCCAAAAGATGCTCCTATAGTTACTCCTTTAATGGA  CTTTGTTTCGTACAGAGAAGAGCTGCAAAAGAGTGGAACTCGGAGATCTGCATTGAATGGG  AAGCCGCCAAAAGGGGCAGTGGAGCATCATCTAGGACTCCTAACTCAGGTTCTTCAA  AAAGAGGATCAGAGAAGAGGAGGACTGCCACCACCATGTATGTTTCAAGGGACAAC  CAAAAGCCGCGAGTGGCAAAGACAAATCTACGTATATTCTGGTTAAACGAGATGATCA  GCAGCTTTCTGATAAGTCTGTTATTTAACTTCTGCATCTGAACTGCTGCATTGGAAG  AGGAAACTGGAGGTTCCGGATTCACTGATGTTGGGAAGAAGAAAATGTTGCTCTTGAA  GGGAAAAGAGAGAGAAAAGTCCCACTAACCAGAGGCATGAAGCTAGTGGAAAGATTAT  CAGGAGCATTCTCCTTAACAAGGATAGTCGTCGAAGATCGATCACCATCTGGTGCTCAA  TCTGAACGAGAAAATCCAGACCTTAACCAGGACAGGGACAAAAAACCTCCCGCCTC  AAATTGTGCGGTTGTTTCAGAAGGACATTAATGGGGCTCCTGACCATAAGGCTGATGG  CAATGCTATACATGCTGTCCACTGAGAAGCGTGAAAAGACGGACAAGGAATAAAGA  TAGGCCTGATCGTGGAGTTTGGACTCCTCTCAGCGTTCAGATGGCTCACATGCAAGTG  ATGAGTCTTTATCGTCTATACTTCCAAAAGCATTCCAGGAGGGGATTCTGCAGAAGG  AACTCATGGGGAAGTGAAAATTGACATGCCGAGTGTGCATGGT</p>
109	1.158	<p>ACATTGGCTGAGAACAAAGGTCTCTGAAGATGGGTTTCTAGTGGTCATGCTAAGCAAAG  GCAAAAATCTGGGTTCTGGTGTTTCGACATTGTCCCAGCCTGCGCCTACTTCTGTGCCA  ACTTCTGATCCTATATCTGCACCTGAAGCTCCTCCACCACCTGCTATGGCCCTTGAGAG  CGTTGCATCTGCTTCCGATGCTGCTACTGCTGTTGACCCTCCGTCTGATACTTATTCTGA  GGCTGCTACGAGCTTAGTTGCCAATAATAATCTTGAGCAGACTATTAACAATAATG  GATATGGGTGGTGCTAGTTGGGACAAAACAGACAGTCGAACGTGCCCTGCGAGCTGCGT  ATAACAATCCTGAGCGAGCAGTGGATTATTTGTATCTGGAATCCCTGAAAGTGCAGA  AGTTGCATTGCCTTTAGCTCAGGCTGGGGTGGATCCTGTTGCTGCAACAGGTGCGGCA  GGGGCTGCACCTGTTTTGGCGGGGCCGAATTCATCTCCATTGAATTTGTTTCTCAGGA  GGCCCTTCTGGTGCCAGTGTACTGGTCTTGGATCCCTAGATTTTCTCAGGAACAACC  AACAGTTCAGGCGCTGCGATCGATGGTTCAAGCAAATCCACAAATTTACAGCCCAT  GCTTCAGGAGCTTGAAAAGCAAAATCCTCAACTTTTGAGACTAATACAAGACCACCAT  CAAGAGTTCCTTCAGTTGATTAATGAACCTGTCGATGGTTCTGAAGAGGATATATTGGA  CGAGCCTGAGCAGGACGTGCCCATGCTGTTAGTGTACACCAGCAGAGCAGGAAGCC  ATCGAGCGAATGGAAGCTATGGGTTTTGATAGAGCACTTGTATCGAGGCCCTTTTAGC  TTGTGGCCGCAATGAAGAATTGGCTGTGAACTACCTATTGGAGAATGCTGGAGATTT  GAGGATTGAGAGAATGGAAAACCATAAAATTTATATTGTTTATTTCGCACAGATCAACT  CGGGTTTCATAAAAACTGTTTTGCTTCAAATGCGGATCACATTGATCCCTTTTAAAGGA  TGATCAATTTAACCAAAAAGAAATGAAAAAATTGAGAAAAATGTAGAATGTGAAA  GCTCGAAAGATTAGTTTATTGATGATCCCTGCTGTGTTTAAATTTGT</p>

Πίνακας 76. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
110	1.071	<p>ACCAGCTTTATAAAGGGTGACATATCATAGTTAGAACTAGAAAATGGCATGTAAGGGG  TGTTTGGAGTGCCTCTTGAAGCTGATGAACCTTCTTGTAGCCCTTGCGGGTCTGGCCAT  GGTTGGATATGGAATATACCTCTTTGTAGAGTATAAGAATGCTGCATCCTCCGGTAATC  ATCCAAAATATGCATTCGAGTGGCGAATTGATCCAGTTAGGTGCGCCGATGCTCATGAC  TGTGTCTTTGGATAGCATTTCGATAAGCTCCCAAAGCTTGGTTCATATATTTATTTAT  AGGAATTGGAGTAGTCTTGTGTCGTCATTTCTTGTGCGGTGTCATTGATGCCACTCTAC  GGAATGGTTGCTGCCTGACTTGTATTCAATATTTGTGATCTTGTGATCTTGATAGAA  CTGGGATGTGCTGCTTTTATGTTCTTTGACAAAAGCTGGAAGGAGGCAATTCAACTG  ACAAAAGTGGAAATTTTATGATATGATCTATGATTTTATGGGTAAAGCACTGGAAAATAT  CAGATGGGTTGCTCTTGGTGTCTGTTATATTGGAGGTGCTTGTATTTTTGTGGCGCTTGT  TGTGAGGGCTGTCAACAGACCCGCAAAATATGATTATGATAGTATGATGATGATGCCACA  GGTTC AAGGCGGCAAACCCGACAGCCATTGCTCAACAGGACAGCAGCAGTCTCCCTCTC  CAGGTGTCTCTGCTGCTGGTACATGGGGTAGGGTGTTTTGTGAGTCATTGTGTTTTGG  ATCCATGTGGGAGTCTTTGTTAAGTGACAGCCAAATGTGCTTGTGCCAAGACTTGCCG  ACCAAATTTGAATACACGGCTGCTGGCGGAGGAGCTGAAGGTGGCGGTGGAGGTGG  AGAGAGCGGATATGGGGTGGTTTTCGAAGGAGGATTTATGCAAGGCCATTAATCTGT  GATGGATAAAGACAGTGAAGTTGGCAATTTGATCAAGAAAAACCACTCCAAGTGAA  AGAAACTTTGGTAAGCCCAGGATATATGGACAATTACATTGATAATTTATCAACAGT  CTTTATGAGCTTTAGATGT</p>
118	1.120	<p>ACTTCACCCCACTGCACAAAAAATTGATGGAACAAGAAGGACTAAATGCTCTTGTCTGC  TGCTCTAGCAACTTTGAGTGGTTTTTCCAGCCCCATCATCTCGTCTCTTATTAGCCA  TGAACAGGGATTAGTTACGTTACAATTGACCCGTGAAAAGTGGTTATTCTCGAGGATTCC  TATCTGCTAGATCTGTACCGGGTTTCTCTCTGATGTTTATTCTGCTGCTGCTGATGAAG  TAGGGAAGTACACATTATTGCAGATGAAAAGCTCCAAGGAGCAGTTTTTGTATCTCC  AGAAGAGATTGCAAAAGAGTTGCTGAATAGGGAGCTACCTCTGGGAACACTATGAG  CAAAATAACCAAGTTGCTGCTTTGCAAGACGATGGACCTCCAAGTGATTACTATGGC  CGTTTTTCAAACAGTGATAGAAGCTCACAAGAGTTTCAAAGACCGGAGGGGTGGT  AGTTTTTCTCGGGATAGGCGGGATAGTGTATGATGGCGAAGATAACTCAGGCAAGGTG  GTCGTGGCAGAAGAAGTGAAGAGCAGTTGGTCTGGAAACTCTAGAAGCAGAAGCAGAA  GCGGTGGCAGTGAAGTGAATGTTGATAGGCAATCAGGGCGTCTCTCTTTGG  GAGTAGCGACAGAAATTTGGGGGTGCGTGTTCAACTGTGGACGGACTGGCCACAGG  GCATCGGAATGCCCTAGCAAGAGAGGCTATTAGCAATTGTTGTTGATTTACGATCCTC  CAATCACTGCTCGTCATCATGTTAAGGTTACTGCTATTGCCTAACCAGCTTTTGAATA  TTGGTTTTCTGTGAGAGCTAGTATCAGAGGTGGTCCAGGTTTGGGGGAAAGGCTCCTG  GAAAATTGAAAGCTTCAACCTCTTATCTCGTCTTGTGAAATCGCTTTCTAAGCACAA  TCCACATGATTACACCTTTTCTGGTCAAGGCAATAATTTGTTGCAACTACTGCCTGTC  CCCCAAACAGAGAGGATTACCTTGTAGTGTGATTATTTGGTAACTTACTTATTCTCAT  TGTAAGGCATCTAGAGATATCTCGTGAATGTTTCAGTTTGTATTTGGATTGGATAGAC  CCATATTCGT</p>
122	923	<p>ACATGCAGCTATATGCACCGACAACCTTTGTCTCCAGCACGTGACTTCTTATTGTTACGT  TATTCTTCGGTCATGGATGATGGCAGTCTAGTGGTCTGTGAAAAGATCACTTAGCAATAC  TCAAAATGGTCCGAGCATGCCGCTGTGCAGAATTTGTGAGAGCAGAAATCTGCCA  AGTGGTTATCTAATTAGACCTTGTGACGGGGAGGCTCAATTATTCACATTGTTGACCA  CATGAATTTGGAGGCATCGAGTGTCTGAGGTGTTGCGTCCACTCTACAAATCTTCAA  CAGTGCTTGTCTAAAAGACAACAATGGCGGCTCTTCGCCAACTGAGGCAGATAGCTCT  GGATGTTTCCAGTCTAATGTAACCAACATGGGCAGACGACCAGCAGCTACGGGCA  CTAAGCCAAAAGGTTAACAGGGTTTCAATGAGGTGCTAAATGGGTTTTCTGATGAGG  GTTGGTCAATTGGTGGGTAATGATGGCATTGACGATGTTACCCTTCTTGTGAACTCTAAT  CCCAACAAATTAATGGGCTTAAATGTTTCTTCTGTAATGGATATACCTCAGTCTCTAA  TGCAGTGTGTGCGCTAAAGCATCTATGCTTTTACAGAATGTGCCCTCCTGCAATACTAC  TAGGGTTTTTGCAGCAGCAGGTCAGAATGGGCAGACAACAACATAGATGCATACTC  TGCTGCTGCTATTAAGTTGGCCCCAGTAACTTTATAGGGTCTCGAGTTGGTAACTTTG  GGGTCAAGTTATACTTCCGCTGGCTCACACCATCGAGCATGAAGAGTTTCTTGGAGGT  CATTAAGTTGGAAGTGGGTGGCCATTCCCCGGAAGATGCAATTATGGCTAGAGACCTG  CTCCTCTGCAACTGTGCAAGTGGAAATGGATGAAAATGCTGTAGGT</p>



Πίνακας 76. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
128	1.446	ACATGGGGAAATACAACCTCAATAAGTTATTAGCAAGAGAGAAAAGAGAGACTCCAAAG AAATAGAAAATATATACATACAGTCTAAATATGGCAATGGTTCAAAACAATGGTTACC AAATGCCAATAACTTGCCAAAACCGGTGTCTCGAAAATGGCAGTCAATCGAGAAAACCGG CTACCGTAAACCAATCAACAGCCACAACCCTGAGGAGTTGTTCGAAAATGACAGTTACT CTAAATAGTGGTTATGAAATGCCTATAATAGGACTCGGTGTTTTCCGTATGGATGGCA ATGTCATGAAGGACTTCATTCTCGAGGCTATCAACAAAAGGCTACCGTCACTTTGACTGC GCAGCTAAATATCAGAATGAAGCCGAATTAGGTGAGGCAATTGCAGAAGCGATTGAA AAGAACTTGTCAAGAGGGAGGAACCTTTTATTACTACCAAGCTGTGGAATTCAGACC ACGGTCATGTCTTGAGGCCTGTCAAGACAGCTTGAACAAGCTACGCTTAGATTATCTT GATCTCTTCTCATTCACTTCCCTGTGCCACAAATTCACACAGGAATTGGCAAAGCTTC CAGTGTTAAAGGGGAAGATGGTATTCTCGACATTCAAAATAACATTACTTTGGAACA ACATGGCGCGGTATGGAAGATCTTGTTCCTCAAGGGACTGGTTCGCAGCATAGGGATTA GCAACTATAGCGTGTCTGTAACCCAGGACTGCTTGGCTTATGCAAAAATAAAGCCTGC CGTGAATCAGATCGAGACACATCCTTATTTCCAGAGAGAATCTCTCGTCAAATTCGTGTC AAAAACACGGCGTCTGTGTAACAGCACACACTCCTCTTGGTGGTCTGTAGCCAACGT CGAAATGTTTGGCTCTGTGTCATGTTTGGATGATCCAATTCTCAAAATTTTGGCTGAAA AATATAAAAGGAGTGTGGCACAGATTGTTCTTCGCTGGAACATTCAGCGAAATGTTGT CATCATCCCCAAGACATCCAAAAGGAGAGTTTGTTCGGAGAATTTCCAGTTTTTCGAC TTTGAGCTCACTAAAGAGGACATGGAACCTGATTAAGCACTGGACCGAAATCACAGG ACCACCTTCTGGAAAAGTTTTGGGGCATAGATATATCCAGTAAATCCCCTGCCTTTT TGGGGTCATACCTGGAAAAGTTTTGGGGCGTAGTTATATAAGTAAATCGCCTGGCTTTT GAGGTCGATGAACAGTAATTTCCATTAGTATTGAGTGTGTGGTTAGTATTTTGTGGTT AGAGCTCGCCATTCTGTATCTCTCTTTGAACGATTGATTGAGACGATAAGCAATAAAG TTTGGCTATATGTAATAAATTTATGCTATGTTTACTCTATATTTGCTACAATTGAGCAGC AAAACCCATTGGATGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
129	384	ACCAACGGCTAGACGGTAAGACCCCGTGCACCTTAACTATAGCTTCGAGTGACAACC TTGATCGAATGTGTAGGATAGGTGGGAGGTGGTGACACACAACGACCAATCCTGAAA GACCACTCTTTCGTCTAAGGATGCCTAACCCCGCACCGATCATTCGGGGGGAGGGCG GACTGCGAGGTGGTAGTTTATCTGGGGCGGATGCCTCTCAAAGAGTAAACGGAGGT GTGCGAAGGTAGGCTCAAGCTAAGATTCTGCTCGTGAGCGTAATGGTATAAGCCTGCC TGACTGTGAGACCGACTGGTCAACAGAGACGAAAAGTCGGCCATAGTGATCCGGGAG TCCCGTGTGGAAGGGCTCTCGCTCAACGGATCAAAGGT
130	394	ACATGGGTCCGCAGAGCTGGACTGCAGCAACAAGCATGTGCAACCAGGGATCAAGAG CAAGTCCCATATGAAACATAGTCGAAATTTTGTCTACATAATTTGCCCGAGGCAAGA ATATGGAGAAGGATGCTTATACGACCAAGACTGTCACTGGTAGCACGAGACGAGAAA TAGCGTGAATGCAAGCTTTACATAGGATTCAGAGTGGAGCCACAAGAATTCGATTGC ATGATTCTGACTACTTTGGCTTTTGTATGTATATCAACAATTGATTGCTGAAATCTCA AGGAGATTTCTTTTAGTAATAGCCCGATCTGGTCCAGTAAATTAGGCTTTGTTTGACA TCCTCATGGTGCATTGTGCCTTAACTATTGATTGTGAACTGTAGT
131	307	ACATGGGTGCGCAATTCATGCCAAGAGGGTACTATAATGCCAAGGACATTCAGCTT GCTAGACGTATCCGGGGTGAACGCGCATAAGTCTCCGCGGAGTTGATCGATAGTTAAT TTAGGTAAATTAATTAATTAATGATGATTTTGTTTGAAGCCTCTTTTATTGTTATAAT ATGTCCTGAGGGTAGGGCATTGATTTAGACAATTGTTTGGGATTATCTTTTGTCTTATT ACATGGGGTTGTAATTAGCAGATTTAAGTAAGAATTGCTTTTGTCAAAAAAAAAAAAA AAAAAAAAAAAAAGT
138	405	ACTCTCTCACTTCTCTTTTCCAATTTCCGGTCCAACGCCACCAATTTGTTGTTCCGG CTGAAATTTTCCCGCCAGGCTTAGGTCGACATGCCATGGTATATCAGCAGCTGCAGG CAAGGCAGGATCCATAGTTGGAGCCTTTGGGTTTTTATACGCTGCACAGCCGACGGAT CCGAAACAAGACTGATGCCGATATCCACCTGGTATTGGTGTAAAGAACTCGCTTATCA TGCTCGGTTGTGTCAACTCTTAGGAATGTTGTTACGTTGTTGGTCCCGAGTCAAG GGAAAATCGTTGGAGGAAATGTCGCAAGAGAACGAGGATGAAGATGGAATGTAACA GAATTTAGGGCTAACGATACTAGGACAGTTCAGTTTAGTTAAGTGAATATACGT

Πίνακας 76. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
132	949	ACATGGGGATCACCAAGACGCCGTTTCTCCTCGCAGAGTGAAGGAAGGAAAATATGTCTCACAGGAAGTTTGGACACCCAAGGCATGGTTCACCTCGGGTTTCTTCCGAGGAAGCGAGCTGCCCCACATAGAGGAAAAGGTGAAGGCATTCCTTAAGGATGATCCCCTAAGCCCTGTAGGCTAACTGCTTTTTTGGGTTACAAGGCCGGCATGACTCACATTGTCAGAGAAGTCGAGAAAACCTGGATCAAACTTCACAAGAAAGAGACTTGTGAAGCTGTAACCATAATTGAAACACCTCCAATGGTTATTGTTGGAGTGGTAGGCTATGTGAAGACACCTCGTGGTCTTCGCTGCCTTAACACTGTTTGGGCTCAGCACCTGAGCGAGGAGATAAAGAGGAGGTTTTACAAGAACTGGTGCAAGTCTAAGAAGAAGGCCTTCACGAAGTATTCAAAGAACTGGAGACCAATGAGGGGAAAAAAGATATCCAATCGCAGCTAGAGAAGATGAAGAAAATATGCATCTGTTATTCTGTTTTGGCTCACACTCAGATAAGGAAGATGAAGGGGCTGAAACA GAAGAAGGCACATTTGATGGAGATACAGGTAAATGGTGGGACTATTGCACAGAAGGTTGACTTTGCATATGGTTTTCTTTGAGAAGCAGGTCCCTGTGGATGCTGTTTTCCAGAAAGATGAGATGATTGATATTATTGGTGTGACAAAAGGGTAAAGGTTATGAAGGTGTTGTAACCCGTTGGGGTGTCAACCCGCTTCTCCTCGCAAAACCCACAGGGGTCTCCGCAAGGTTGCTTG TATTGGGGCATGGCACCCCTGCTCGAGTTTCTTCACTGTTGCCAGGGCTGGTCAGAATG GATACCATCACCGACAGAAATGAACAAAAAGATCTACAGGCTTGGCAAGACAGGGG ATGAGACACATACTGCCAGT
139	225	ACAATGGCAAGACCTTCAATACAGTTGAAATTAACCTGAAATGATAAGTCACTATCTTGCTGAGTTCTCAATCTCATACAAGCCAGTCAAGCATGGCAGACCCGGTATTGGTGCC ACCCACTCCTCAAGGTTTCCTCTGAAATGAGAAATCTACCATCAATTTAGAAATAC AAGAGAGATTTTGTTCGTCAGGATCACCTATGTTATGCTACTTTCTTCGT
142	294	ACTCAATTGTCTTCAGGGGATTATTTATCTAGCCTTTTCTAAACCTCGTTCTCCAATGGC TCCCTGCTTCTGCCTTCAGCTTCTGTAGACTACCAGCAAAGGTCAAGTCCCCCAATTT CAAATGGGAGCTTGCCCCACCTCCGAAGCCAGGTCCGGGAAAATTTACTACTGCAGC TTCGCTTTTAGATGTCATCAAAGATGTTGAAACCGCTATATCTTGCCGAAAGGGTCGAT CAGGCACTGCAGCTGGTGACGTTGCTTTCCCAAGGGAAAAATAAATTTGGCATCTGT
143	340	ACCACGTGCTTCTGTAGGCCTTCTGTAATATCAACTTCAGAACGCAAGCACTTGGCACA CATATTTGCAGCATTTGGTTGCATCAAAATACCGCATTTGCAGCATAGGACACTGCCTA TAGTCTGGGGCACCGTAAACATTCCTGCTTCTTGTGCCATGACTTCAGATGAGCACACT GTGGATTTGACAATAGAATCTAATGGAGACGAAAACCTGGCAGCGCGGCAGCGGA CGGAGTGAAGAGGAGAGACGACGGGAAGGTGATACAAAAGAGCGAATTTGTAAGTGT CGTGCAGATTTTATTTTATTTTCTATTTTATTTTGTATCCCATGT
148	359	ACAACACCAAGTATGCAAAATACATCTGGTCATAACAGAAGGTTTGGTGGATAATAAT ATACACTAAAAGAAAACAATCTATCTACCAAAATTGGATTCTCAAGAAATTTTGGATT AAGAGATGATCCGAACGTAACCTAGGACTGTATTGCAGAAAAGAGGATAATATCACAA GTCACCAGATGATTATCGGAAGAAGATACGTTTCTCACCAGTTCTGCAACTGTGAAGA AATGCTTTTTACAACAGGGTGATATTCTGTGTGCAAAATGTCTTTTGTCTTCTCTGAACC AGGTTGCCAAGCCACTCGTTATAGAGGCTTTTGGTAAGGGGATTTTCAAAGGATCG GCTACCAGT
151	195	ACGGCGCTTTCGCGTGAACAAAATCGACTCCCAAATCGTTGCAGAGGATGTGGACATG GCCATTATCATAAGTATGAAGGCCGCCAGCGAGAGCCGGGAAGTGAGAGAGAGTTTT AGAAAAGAGAAAGCTTGAGGCGAGAGATGAGAATTGCGGATTCAAAGTGCAGTTTTGA TAACAAAACACCCTTTTGGATGT
155	418	ACAACCTATTAGGGCAAAACCCCATTTCTCAACCCTTCCAGAAAACCCATACCCCTCTG CTATTCATTTCTAATCTCAGTCGGATCCAGCGAAAGATCCGATCTTGACCTGAATACT AGCATCTCCCACTACCCGCTAAAAATGGCATTTGGCGTTTCGATGAATATGGTCCGC CGTTCATTATACTAAAAGAGCAGGATCAGAAGACTCGGTTGCGAGGTCTGGATGCACA GAAGGCCAATATTTACAGCCGAAAAGCTGTGGCTCGGATCCTTCCGACCTCACTCGGA CCCAAAGGCATGGACAAGATGCTCCAAAGCCCCGACGGTGACGTCACGATCAGTATGC TCCCTTCATTTATTTTCGGACTTCGGAATTTAATGTAAACAATGTGTGTAAGTATGATA CA TACTATTTGT

Πίνακας 76. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
162	508	ACACCATTAATCTACACAAACGTCCTCCATGGATGCACCTTCAAGAAGAAGGCTCCAAA AGCCATCAAGGAAATCAGGAAGTTTGGCTCAGAAGGCCATGGGAACCACTGATGTTAG AGTTGATGTTAAGTTGAACAAGCAGATATGGAGCCGTGGAATTCGTAGTGCCAAGG AGAATCCGGGTGTGCATTGCTCGCAAGAGGAATGACGATGAAGATGCTAAAGAGGAG CTTTACTCTTTGGTAACCGTTGCAGAAATCCCAGAGTGTGGGTTGAAGGGATTGGGCA CCCAAGTTATTGAGGATGAAGAATGAATAAACTTATTCTGTTCTTTAAGATTCCAATT TTGTTATACCTCTGATTCTATGTTGGAGAAATCCATTTCAATGGATTATGTCATATTAT TTGTTAATGCAATTAGGTTTGTGGAGATTATATGTTCTTCAGTGCAATAGAATTATC ATATTTTTCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
166	694	ACGTCACCCTCCCTGACAGGTCCTTGACATTTCTCATGATGAATCGATTCTGATCATC AATAAATTTCACTCTCACTTGGGTGACTTGACCTCGAGAGCCAGTCTGCCCATGATCT TCACGACAATGGCATGCTTAATCTGTGAATCCATTCTGAGAATGAATATGAAGCGGCG GCAGAGAGAAAAGGAGCTCGTAAATGGATGTAAAACCCCTAGCAGGAGAAATTCCTCC CCATGTACACGAATCTCGCATATATCAGTTGAAGATATTCTGTGACAAAGATTATCCA GAGAAATCTCCAAGTTCGCTTCCATTCTCGGATCAACATGACTTGTGTTAACCGTGA AACCGGAGTGGTGGAAAGCGAAGAAATTTGCAGTTCTGGGAAATTGGCAACGGGAATA CACCATGGAACATATACTGGTGCAGCTGAAGAAAGAGATGGCGGCTTCACACAACCGT AAGCTGGCCAGCCTCCGAAGGGACCTATTTTTAGCGTATTGGACTTATGTATATTGA CTTTTAGTCACTTGTATGAAAAGATAAAGGGGGAATGCCCTGAAAAGGGTTCTTCTC TCTTACTTCTTGGCTTCTTGATACTGTATTCCCAAGTGAACGAATTGATGGGGTCCGA ATGATTAACGTGGTTTCTTTGTGTGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
173	839	ACCTCGAAGATATGGGAGAGGTAGAAAAGACTTTCAACCGCTTCGACGCAAAACGGCG ACGGCAAGATTTCTACCGAAGAGTTCAGCGGCGTAATGAAAGCCTTAACGGCCGACAC CACAGCCGAGGAGGTCGGCCACATGATGACGGAGATGGATACCGACAAGGACGGTTT CGTAAATCTCCACGAGTTCGCCACCTTCTGTAAAGGCGAGACCGATCCATTTGCCGCC ACTGAAGACGGCGGCGAGAAGGAGCTGAAGGAAGCGTTCGAGCTCTATGATCAGAAT CACAACGGCTTGATTTCTGCTTCTGAGTTACACGTGATGCTCACGCGTCTAGGTGAGCG TTGTGCTGTTAAGGATTGTGCCAGGATGATCAAGTCCGTTGACTCTGATGGCGATGGTT ACGTCAACTTTGCAGAGTTCAAGAAAATGATGACTAATAATAGTAAACAACAGCCGCA GCCCAATTAACACAGACTTCGGCCATGTTTCGACAGTGATCAGGGCCAAGTGCTTGGCC GTATAAATAAAAATAAGATTTTTCCATAATTTCTTATTATATGTTGTAATTCCAAGGGA AACTTTTGTGGAATTTGATGAAGTTTATTAGATCAGATGTGTATAGAATTGGTCAA CCCCGAGGTCACCTTGGTAGTCTTGAAGACTCCTTAATCCGAGGTTGAAAGTTCACA ATAGACAATGGCAGATCCAAAAATATTGACGAGCTATGACGATTATTGATCGTTGATC GTCCGAGTTGTAATAATGATATCGTTTATTATATTTAATTAATAATATTAATGTCTA AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
174	740	ACATGGGGATCACACTCAAGCAATACTTTTCTTACAAATTAATCATCTCTCATCAT CTTTTCTGTGATCTTCAAATTTTGAAGATGGCCGCAGTTGAGGTTGAATCAGTTACT GCAGCAATAGTAGAAAAATGTAAAAACCGAGGAGGTAATCACCACCCAGAGGCTACA AAAGAAGAGGCAAAATGCACCGGTGGCGGTCACGGAGGAAGTAAAGAAGGGGCTAA AGATGCTGCACCAGAAGAAAACGCTGTTGAGCCTGATCCAGAAGCTGAGAAAGCTGTT GAAGCTCAGAAAGAGACAGTAATTTAGTAAAAGAGTCCGTTGAGGGCGGCTGCCGTG GTTGCACCGGAAGAGCCTGCTGCAGTGAAATTGAAAAGAAAAGAAGATTGAAGAT GTGAAGAAAAGAGGCTGCAGTTGAGGAGACTAAAAGAAAGATTGAAGAGGTGAAGAA AGAGGCTGAAGAAGAAACCCCTCATGTGGTGGAGGGCGGCTCCACAGAAGTTACAGT TGAGAAGACTGAGGATTGAACAGTAGAAAATGATGCAATATTTGGGGTCATTTTAGGCT GGCATTCTGAAGTTTATCATTATGAAGTGTTCGTTCTCAACAGCTTGGGTGATTAGG TGGGTCTAAAGTTGGCTGCTATCTTATGATGGAATGTGATCTCTGGATTGAATAATA AAAAAATGGAATTTCTACTGTCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT

Πίνακας 76. Συνέχεια

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
177	690	ACATGGGGACGTTTATTATATGCTGAAATCTTACGTA AACACACTTGT TACTTACTTG GCTCGTCGGAGAACTATATTCGGCTACCTGAGATATACTTAAAGATAAACCGGAAAC CAAGATCCACCAATTTTTCTTATGCGGAAATTC AATAAGTTGATGTCTATTTTTGGT CATTGATGGCAAACGGACGAAAATTAACCACCAGCTGGAGTGAAAGGTGTTTAGGAA GTTTTGGTTACAATCGGGAGCAAGAAAAGATTTCGGCGTGTGCGAGTTTGGAGAAGA CGAAATTTGGTCAACTTTTGATAACGCAGTCGACGCCGACAATCATCTAGTCAATGGC GAGTGGACTTCAGTTGCTGGTCCGAGAGTAATGAAAGCTTCAAGGGCTACAGGAGCC GCCGTCATGTTCCACGTGCCGACAGCCATGAGCAC AACCCACCACCAGTTGGGGG CCTGTCGTCGGCTTTTGAGGATTCGAGTTCTCATAGGATCGTCCACCAGTATCGAAGCC GAGATAACGTAGTGAATCTCCACCTGGGCACCACATGGCTACCTCGGCCCCAGTGAA TGTTCCAGATTGGTCGAAGATTTATCGAATTAAC TCACTGACTCACTTACAAAATTAG ACGATGGCTTTGAGAATGGTGATTTCGGAATTGGTCCCGCCACACGAGT
178	858	ACATGGGGAGGAATTCCTTACAAAACACAAGCAGCCCTTCTCCTCTCTCTATTCT GACCATCTGATCATTGATCATAAATATGAGTGCTGCTGAGGTGCAAAAATGGTCACTC GAGTGGCAAACCTTTTGAATTTTTGTATCGAAGATCCGTTGAACTGGGGAACAGCTGCT GAGTCATTGAAAGGAAGCCATCTAGATGAGCTGAAACGTATGGTGGAGGAATTCAGG AAGCCGGTGGTGAAGCTCGGAGGAGAAACCTGACCATTTCTCAAGTGGCGGGATTGC CTCCCGGGATAATGCTGTCAAGGTGGAGCTGGCCGAGGCTGCCCGTGGCCGGCTAAG GCTAGCAGTGATTGGGTTATGGAAGTATGAATAAAGGCACAGATAGTTATGGTGTCA CAACTGGTTTTGGTGCCACTTCACATAGGAGGACCAACAAGGTGGCGCTTTACAGAA GGAACCTATTAGGTTCTTGAATGCTGGGATTTTTGGAAATGGAAC TGAATCTTCTCACG CACTGCCTCATTAGCAACAAGAGCAGCCATGCTTGTTAGGATCAACACCCTTCTCCA AGGATATTCCGGTATCAGATTCGAAATCTTGGAGGCAATTACCAAATTCCTAAACAGC AACATCACTCCATGCTTACCCTCCGTGGAACAATCAGTTCATCTGGTGATCTTGTCCC TTTATCCTACATTGCCGACTACTTACCGCCGCCACAATTCCAAGGTGCTAGGGCCCA CTGGAGAATCCTTGACGGCTGAGGAGGCCTTCAAGCTTGCCGGTGTCAATGGAGGCTT TTTTGAGTTGCAGCCTAAGGAAGGCCTTGCAC TTGTCAATGGT
180	494	ACATGGGGGGAAGGTGGAAGACTTCGGGGAGCTTTGTCCTGCGATTAGGGTTTTTTTAC TTGTGATTTGAAGAATTTCCCTCTGGTTCAGTGAGAATTTGATTACTCTAGGGTTTCGA GAGCCTGGGATTTCTCTATTTATCTGCCTATTTATTGCTACTCTGGCGGTTTAGTTTTG AGCTTATAAAATTAGGGTTTCACTGCTGGCTTCTTGATTAAAGAAGTTCTTAATTACTTTT GTTGTGTGGCAAGCTTGCGGAGGAAAAATTTGTTCTTGTAACTCGAAGGGTATTTGAGT CAAGTGACAATTATATTGCTCAGCTGGGCAAGGAGATTGATTAATTTGGTGGAGTGAA TTTCAGGGGATTACTATGGCTAAGAAGGATAGGTTCCCTCCTGGATATGCTACTGGTTT TGCTCCTCAGTATGAATCGGAAGGATCTGGTAGCTCAGGGGGAATTGACAACCAAATT ACTCTATCGAAGGATTCTACTGT
181	541	ACAAAAGCCACATGATTTGCAGGCATTCTTGC GATTCAAGAATTTAGTTCCACAGGA AGTGGATCGGACAAATCTCTATGATTTCTGTGTTTTTCTGTAGACTTCACTATCCCC AATTGAATCTTTAACATCACCAGCAAATGAACTTCTTCTTCTTTTCTGCCCATT CTTGCTCCCCGAAGATAAACAAGACTTGAGAAGTTGTTTCTGAGGATGAGTTCTTGGA AATTGGGTGCAAGGGAATACTTTTCTCTGAGAAGATCAAAGACGATTATTGTGCCTG CAGAGACAGCCATGGCTGTGCCAAAACCAGACCTTGTGAGCTCAACATCGGAATGCC CGCGATTATTTTTATATGAAAAC TAGGGGTTTTGTAGTCGTTGTTAGTAGAGGCTAT TAAAAGAGAGGATTTTGATTATTTATAGGAGGAGGGTCTCGATTATCTGGTGAT GAGTAGAAGAAGGGCTCAATATGGATTTGTGTTCCGTTTCTGGCAGTGGTCAGATTAT AGTCCTCCCATGT
187	491	ACATGGGGCGTTCGTCAAGGTAGAAACAACGCACGAAAATTGAAGGGAAACGAAGG GTTTTTAATGCTGCTGAGTCGATTGGGGAAGCTATTCAGAGAACGGTGTATAACGAG AAGGGTATCTTGGATGGTGCAGAGAAATGGCCATTGGAATTTAGAGAATTGAGCGGA AAAAGGCTTTTTGGAGTGGCGGGATCGCCTAGATTTGATCTGTATGATGCAGATTACG GCTGGGAAAAGCCAAAAAATGAAGCTGTAACATCGATGGAGATTCGTCAATGTC CCTTTGTAAGTCGAGGGATTTGGAAGGAGGTTTCGAGATTGGCTATCCAGGCCTAGA AATGTGCTGGATGCCTTTCACCTTTCTTCACTATCTCGCTTCAAATCTTAACTTCTT GGGCTTTAGAGGACCATTTCCATTGCAACGGTAGTAAAACCTAGTGCTCTATGATACA AACAAACGAAGGTGATACATAAATATGT

**Πίνακας 76. Συνέχεια**

Όνομα αποικίας	Μέγεθος (bp)	Αλληλουχία
189	918	ACTAAGATTGCTTCAGAGGGACTTAAAGCATCGTGTGTTTGAAGTGTCTTTGGCTGACCT TCAAGGTGATGAGGACCATTCTTTCAGGAAGATCAGATTGAGAGCTGAGGATGTTTCAG GGAAAGAATGTTCTCACCACCTCTGGGGCATGAACTTCACTACAGATAAAATTGAGGT CACTTGTTAGGAAATGGCAGTCCTTGATTGAGGCACATGTTGATGTCAAGACTACAGA CAACTATACTTTGAGGATGTTCTGCATTGGTTTCACTAAAAAGCGTGCTAACAGCAA AAGAGGACATGTTATGCACAATCAAGCCAGATTCGCCAGATACGCCGTAAGATGTGTG AAATCATGATCAACCAGGCACAATCTGTGATCTCAAGGATTTGGTTCAGAAGTTTATT CCTGAATCAATTGGGAAAGAGATTGAGAAGGCAACCTCTAGCATTTATCCGCTGCAGA ATGTGTATATCCGGAAGGTTAAGATATTGAAAGCTCCCAAATTTGACCTTGGCAAGTT GATGGGGGTTTATGGTGATTACAGTGAAGACGTTGGTGTGAAGTTGGACAGGCCTGCT GAGGAGCCAATGGCCGAGGCAACTGAAGTGGTTGGTGCCTGAAATGAAAGGATGAGT CCTAAGTTTGCTAATGTTATGTCTTCAAGTCAGAGAGGTTTGGCTTGAACAAGATGTA AAGCACTTCATATTGTTTTGGAGTAAATTAAGGAAGGATTTTACTCTGAAGAGAGTAG AACAGTGTTCCTCAGCTGTTATGAACCATAAAGCCACAGGCATTTTGTAGTTTCATGTT GATTCTTGTGCGTAATTCTTATGTTTTTCAGTTCCTTCTTGATATACTTGAATATTATC CATTGGGGTTATTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT
190	651	ACAATCCCAACCTCTAGCTCAGCCGCTATGGAGCAATATATTAAGCAGCAGCCCAAA AATCCGCCGCCAGCGCCTCAACTATTCTCTCCATTATCAATGATCAACAACACGGGGT TATGGTAGGAAGTTGCGATTCTCGGAAGGGAATATCGGTGGCGGTGGTCCGTGCTAAC GCCATAATCCAAGGTGGCGAGAGGCTATGCCTCTCGGCTGATCGATTGTTTCTGTCCC TGAGGTCATTGCTGAAATACGTGACCCCGCTTCGCGTCACTCTCAAGTTCCCTCCAT TCTCTGTTGACACTCTGGAACCCTCTTCGGATGCCCTAAGAAAAAGTGATCAATTTGCA AGGGCAACTGGAGACTTGCAACACTTTCAGATGTGGACCTTAAGCTAATTGCTTTGA CTTATACATTGGAGGCTCAGACCATGGAACCTACCATATCAGAGACAACCCCTCCTCC TATTCAGACGGTTAATGTGAAGAGACTGCCTGAAAAGGACATGCCAGGGTGGGGATCC AATGTTCCCAATCTGGAAGAATGGGAAGCTCTAGAGCATGCGACTGAGGGTGGATCAA TTCCGAATCAAGAATTCTTCCCATGAAAAATTTGAACTTGAATGCTTTATCCGCAGAT GAACATGG
191	570	ACAGAGTGGACTCAGAACACAGCGAGTTGACAACCTCGGGGTTGCTTCTGCAAAATGTG AATGGATTTTCGCAGAGTTCTACGTCCAGCAACTCGCTTGACCCGTTTGGGGCTCGGTT TCTGACTCAGCCGGTGGTTTCGGGTTTAGGCAGTGAAAATGATAATAAATGGAAGTG TAGGGGTGGATTAATGTAATAAATGGAATTCTTTGGGTTTGGGTTTTTTGTTCCTGAT CACAAGCTCTAAGGAGCCTACTTTTATGGGCTAGTTGGCCTCGAAGGCCAATACTTTG TTCTTGATGGGTTAGGTTAGAAATTTAGCTTTTGCTAAAACCTCAATTCTATTATTTGT TAAAAATTTTCTATTGAAAAAATAATAATAATAAAAAGGCTAATAGTAGCAGTAGT TAAGAGCCCTTATGAAGGGTTTTTGTATTCTTTTGTAGAAGTATTTGATTTAATT GGCTTCTTTTGAAGCGTTTTTAGTTAATTATTTAGACAGATTTAGAAGTAAATTTTA ATTTAGAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGT





