ژنتیک نوین
دوره شانزدهم، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۰
صفحه ۱۶۰ - ۱۵۱

بررسی تنوع مولکولی در لاین‌های اصلاحی گندم دوروم با استفاده از نشانگرهای SCoT

Evaluation of molecular diversity in breeding lines of durum wheat using SCoT markers

نصیبه شایگان[۱]، علیرضا اطمینان*[۲]، اسلام مجیدی هروان[۱]، رضا عزیزی نژاد[۱]، رضا محمدی[۳]

۱- به‌ترتیب دانشجوی دکتری، استاد، استادیار، گروه بیوتکنولوژی و بهنژادی گیاهی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران
۲- دانشیار، گروه بیوتکنولوژی و بهنژادی گیاهی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران
۳- دانشیار، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، معاونت سرارود، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران

Shaygan N[1], Etminan A[*2], Majidi Hervan E[1], Azizi Nezhad R[1], Mohammadi R[3]

1- PhD Student, Professor, Assistant Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran
2- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran
3- Associate Professor, Dryland Agricultural Research Institute, Sararood Branch, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Kermanshah, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: alietminan55@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۹/۰۳/۱۷ - تاریخ پذیرش: ۹۹/۰۹/۱۸)

چکیده

ارزیابی تنوع ژنتیکی در یک منبع ژرم‌پلاسمی در حفاظت مؤثر از ذخایر ژنتیکی اهمیت داشته و به کوتاه شدن مدت زمان برنامه‌های به‌نژادی کمک می‌نماید. تنوع ژنتیکی نقش بسیار مهمی در کاهش آسیب‌پذیری ژنتیکی در برنامه‌های به‌نژادی گیاهان دارد. در مطالعه‌ی حاضر، ۹۶ ژنوتیپ گندم دوروم برای ارزیابی تنوع ژنتیکی با استفاده از ۱۲ آغازگر SCoT مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که آغازگرهای SCoT، در مجموع ۷۶ باند چند شکل با متوسط ۵/۴۲ باند به ازای هر آغازگر در جمعیت مورد بررسی تکثیر نمودند. میانگین مقادیر شاخص نشانگر (MI) و محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) برای آغازگرهای SCoT به‌ترتیب ۰/۴۶ و ۲/۵۱ به‌دست آمد و نشان داد که نشانگرهای SCoT از کارایی بالایی در شناسایی تنوع ژنتیکی در ژرم پلاسم گندم دوروم برخوردارند. برآورد تعداد آلل‌های مشاهده شده (Na)، آلل مؤثر (Ne)، شاخص شانون (I) و میزان هتروزیگوسی (H) نشان داد که لاین‌های با منشاء ICARDA در مقایسه با لاین‌های با منشاء CIMMYT از میزان تنوع ژنتیکی بیش‌تری برخوردارند. گروه‌بندی لاین‌های مورد بررسی با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای بر اساس ماتریس تشابه جاکارد و الگوریتم Neighbor-joining لاین‌های مورد بررسی را تا حد زیادی بر اساس منشاء آن‌ها دسته بندی نمود. این نتایج نشان داد که تنوع ژنتیکی نسبتا بالایی در لاین‌های مورد مطالعه وجود داشته و نشانگرهای SCoT ابزاری مناسب برای مطالعه تنوع ژنتیکی در ژرم پلاسم گندم دوروم هستند.

واژه‌های کلیدی

پلی‌مورفیسم
تنوع ژنتیکی
گندم دوروم
نشانگر SCoT

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]

مقدمه

گندم دوروم (*Triticum turgidum* L. subsp. *durum*) گونه‌ای تتراپلوئید است که برای تهیه ماکارونی استفاده می‌شود و حدود ۱۰٪ کل سطح زیر کشت جهانی گندم را به خود اختصاص داده است (Lozhkin et al. 2020). گندم دوروم، در مقایسه با گندم نان سازگاری بهتری در شرایط اقلیمی نیمه‌خشک از خود نشان می‌دهد و مناطق مدیترانه‌ای، حدود ٦٠ درصد از گندم دوروم جهان را تولید می‌کنند (Lozhkin et al. 2020). در حال حاضر کشور ایتالیا از بزرگ‌ترین کشورهای تولید کننده گندم دوروم می‌باشد (Hammami and Sissons 2020).

پیشرفت در به‌نژادی گندم که غالباً با گزینش و خالص‌سازی مخلوط واریته‌های بومی و یا جمعیت‌های حاصل از دورگ‌گیری لاین‌های مطلوب انجام می‌گیرد، سبب کاهش تنوع ژنتیکی یا به اصطلاح فرسایش ژنتیکی شده است. با توجه به اهمیت این محصول و همچنین ضعیف شدن پایه ژنتیکی ارقام زراعی، به‌نژادگران همواره به‌دنبال اصلاح ارقام گندم و توسعه و بهبود ساختار ژنتیکی آن بوده‌اند. ارزیابی تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی برای برنامه‌های به‌نژادی و حفاظت از ذخایر توارثی کاربرد حیاتی دارد (Bagheri et al.1996). بررسی تنوع ژنتیکی از لحاظ کمک به مدیریت مؤثر و حفاظت از منابع ژرم‌پلاسمی اهمیت بالایی دارد و امکان شناسایی ظرفیت ژنتیکی صفات مرتبط با اهداف اصلاحی مهم و مورد نظر را برای به‌نژادگران فراهم می‌سازد. علاوه بر آن، مطالعه الگوپذیری تنوع ژنتیکی از تنوع جغرافیایی و اقلیمی توده‌ها نشان‌دهنده سازگاری احتمالی آن‌ها با محیط‌های متفاوت است (Mohammadi and 2003, Pradeep et al. 2002 Prasanna).

در واقع، مطالعه تنوع ژنتیکی هدفی ارزشمند برای حفاظت از گونه‌ها می‌باشد که در انتخاب افراد برای ورود ژن‌های مطلوب از ژرم‌پلاسم به درون پایه ژنتیکی نقشی مؤثر دارند. ورود ژن‌های مطلوب به داخل جمعیت‌ها می‌تواند کمیت و کیفیت محصولات را تحت تأثیر قرار دهد (Rao and Hodgkin 2002). در زمینه بررسی تنوع ژنتیکی محصولات زراعی مختلف و از جمله گندم دوروم مطالعات زیادی انجام شده است (Golabadi and 2003 Arzani؛Singh 2003؛ Mangova and Petrova 2007؛ Farahani and Arzani 2007). امروزه با پیشرفت روش‌های مولکولی انواع مختلفی از نشانگرهای ملکولی در تجزیه تنوع ژنتیکی و بررسی روابط بین گونه‌ای استفاده می‌شود. در سال‌های اخیر چندین سیستم نشانگری جدید مبتنی بر PCR از جمله نشانگرهای هدفمند ژنی SCoT توسعه یافته است. نشانگرهای SCoT از جمله نشانگرهای نوظهور در زمینه بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت محسوب می‌شوند. این نشـــانگرها همراه با دیگر نشانگرهای هدفمند ژنی نظیر CBDP در بررسی تنوع ژنتیکی و مطالعه ساختار جمعیت در انواع ژرم پلاسم زراعی و وحشی گندم مورد استفاده قرار گرفته‌اند و با توجه به گزارش‌های موجود از کارایی بالاتری در مقایسه با نشانگرهای پرکاربردی مانند ISSR برخوردار بوده‌اند (Etminan et al. 2018; Etminan et al. 2016). علاوه بر این، هزینه‌های مناسب و مقرون‌به‌صرفه، تکرارپذیری بالا و ارائه میزان بالایی از چندشکلی سبب شده تا این سیستم نشانگری بتواند در مطالعات مرتبط با تنوع ژنتیکی، ساختار جمعیت و حتی در مکان‌یابی صفات کمی و هم‌چنین اشباع نقشه‌های ژنتیکی مورد استفاده داشته باشد (Collard and Mackill 2008). از نشانگر SCoT در مطالعات مربوط به تنوع ژنتیکی در گیاهان دارویی مانند سیاه‌دانه (*Nigella sativa* L.) (Mirzaei and Mirzaghaderi 2017)، و گیاهان زراعی مانند برنج (Collard and Mackill 2009) و سیب‌زمینی (Gorji et al. 2011) نیز استفاده شده است. در مطالعات صورت گرفته بر روی ژرم پلاسم گندم با استفاده از نشانگرهای نوظهور نیز مشخص شده که نشانگرهای هدفمند ژنی مانند SCoT و CBDP در انگشت‌نگاری توده‌های گندم دارای عملکرد بسیار خوبی هستند؛ به‌طوری‌که این نشانگرها می‌توانند برای سایر مطالعات ژنتیکی در گندم مورد استفاده قرار گیرند (Etminan et al. 2017; Etminan et al. 2019 Hamidi et al. 2014;) از طرفی مطالعات جدید، کارایی نشانگرهای SCoT را در بررسی تنوع ژنتیکی گندم و اجداد وحشی آن را تأیید کرده است (Por-Aboghadareh et al. 2018: Heidari et al. 2017) در بررسی تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌های مختلف آژیلوپس ایران با استفاده از دو سیستم نشانگری SCoT و TRAP نشانگرهای SCoT به‌عنوان نشانگرهایی قابل اعتماد، آگاهی بخش و با کارایی بالا در شناسایی چندشکلی

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]

موجود در ژرم پلاسم خویشاوندان وحشی گندم معرفی شدند که با توجه به قابلیت‌هایی که دارند می‌توانند در مطالعات ساختار جمعیت نیز مورد استفاده قرارگیرند (Ahmadi et al. 2019).

در این مطالعه، از نشانگرهای SCoT برای بررسی تنوع ژنتیکی در ۹۶ ژنوتیپ گندم دوروم شامل ٥٤ لاین اصلاحی (BL) با منشاء (ICARDA)، ۳۸ لاین اصلاحی با منشاء (CIMMYT) و چهار ژنوتیپ شاهد (check) استفاده شد.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش تنوع ژنتیکی ۹٦ ژنوتیپ گندم دوروم شامل لاین‌های اصلاحی و ارقام شاهد دریافت شده از معاونت مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم (ایستگاه سرارود) واقع در کرمانشاه مورد ارزیابی قرار گرفت. مشخصات لاین‌های اصلاحی گندم دوروم ارزیابی شده به‌همراه منشأ آن‌ها در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- کد شناسایی، منشا و مشخصات ژنومی لاین‌های مورد ارزیابی

No.	Variety / Line	Type	Origin	No.	Variety / Line	Type	Origin
1	Mrf1/Stj2//Gdr2/Mgnl1/3/Bcrch1	BL[1]	ICARDA	49	Stj3//Bcr/Lks4/3/Ter3/4/	BL	ICARDA
2	Ter1//Mrf1/Stj2/3/Icasyr1	BL	ICARDA	50	Icarasha1//Quabrach3/	BL	ICARDA
3	Icarasha2 (Stj3//Bcr/Lks4/3/Ter3)	BL	ICARDA	51	Saji (check)	Cultivar	Iran
4	Adnan1//Mgnl3/Ainzen1	BL	ICARDA	52	Zahab (check)	Cultivar	Iran
5	Geromtel1/IRANYT053//Mgnl3/Ainze	BL	ICARDA	53	SRN-1/KILL//2*FOLTA-1 (check)	AL	CIMMYT
6	IcamorTA0462/4/Gdr2//SwAlg/Gdr1-	BL	ICARDA	54	Imren (check)	AL	Turkey
7	IcamorTA0471//IcamorTA0459/Arisl	BL	ICARDA	55	Miki3 (Stj3//Bcr/Lks4)	BL	ICARDA
8	IcamorTA041/4/IcamorTA0469/3/Bcr	BL	ICARDA	56	Mrb3/Tboeoticum500648/	BL	ICARDA
9	Waha (Plc/Ruff//Gta/Rtte)	BL	ICARDA	57	Mrb3/Tboeoticum500648/3/ICAM/A	BL	ICARDA
10	Mrb3/Mna1//Ter1/3/IcamorTA0459/	BL	ICARDA	58	SwAlgia/Gd181//Ch158/3/Marsyr3	BL	ICARDA
11	Maamouri1/5/IcamorTA0462/4/Stj3	BL	ICARDA	59	ALTAR 84	BL	CIMMYT
12	Azeghar2/5/IcamorTA0462/4/Stj3	BL	ICARDA	60	SORA/2*PLATA_12/3/SOR	BL	CIMMYT
13	Mgnl3/Ainzen1/3/Bcr/Gro1//Mgnl1	BL	ICARDA	61	ALTAR 84/STINT//SILVER_45/3	BL	CIMMYT
14	Ossl1/Stj5/5/Bicrederaa1/4	BL	ICARDA	62	CAMAYO//HYDRANASSINIA	BL	CIMMYT
15	Omrabi5 (Jori c69/Hau)	BL	ICARDA	63	ALTAR 84/BINTEPE 85D	BL	CIMMYT
16	Azeghar1/6/Zna1/5/Awl1/4/Ruff/l	BL	ICARDA	64	PLATA_7/ILBOR06/3*MOJ	BL	CIMMYT
17	Aghrass1/3/HFN94N8/Mrb5//	BL	ICARDA	65	PLATA_7/ILBOR_1//SOMAT_3	BL	CIMMYT
18	Ouasloukos1/5/Azn1/4/	BL	ICARDA	66	MINIMUS/COMB DUCK_2C	BL	CIMMYT
19	Ter1/3/Stj3//Bcr/Lks4/4/Aghrass1/3	BL	ICARDA	67	MIRADOUX/3/AG 1-22/2*ACO8	BL	CIMMYT
20	Ter1/3/Stj3//Bcr/Lks4/4	BL	ICARDA	68	CBC 509 CHILE/5/2*AJAIA	BL	CIMMYT
21	Korifla/AegSpeltoidesSyr//Amedakul	BL	ICARDA	69	STORLOM/3/RASCON_37/TARRO	BL	CIMMYT
22	Korifla/AegSpeltoidesSyr//Mrb5	BL	ICARDA	70	BRENNUR/CIRNO C 2008	BL	CIMMYT
23	Korifla/AegSpeltoidesSyr//Loukos	BL	ICARDA	71	GEROMTEL-3/7/ALTAR 84/B	BL	CIMMYT
24	Korifla/AegSpeltoidesSyr/Amedaku	BL	ICARDA	72	GERUFTEL-1//GUAYACAN	BL	CIMMYT
25	Younes/TdicoAlpCol//Korifla	BL	ICARDA	73	CHILE/5/2*AJAIINIA/GUANAY/	BL	CIMMYT
26	Waha (Plc/Ruff//Gta/Rtte)	BL	ICARDA	74	SOOTY_9/RASCON_37//GUAYAC	BL	CIMMYT
27	Korifla/AegSpeltoidesSyr//Lahn	BL	ICARDA	75	INIA/GUANAY//PORRON_4/BEJA	BL	CIMMYT
28	T.dic.Crosses61/4/Quarmal/Gbch2/3	BL	ICARDA	76	INIA/GUANAY//PORRON_4/	BL	CIMMYT
29	Younes1/6/Ouasloukos1/5	BL	ICARDA	77	INIA/GUANAY/8/GED	BL	CIMMYT
30	Icarasha1/T.Aeg.Crosses	BL	ICARDA	78	CNDO/VEE//PLATA_8/3/6*	BL	CIMMYT
31	Terbol975/Geruftel2/7/Icasyr1//Mrf2/	BL	ICARDA	79	RANCO//CIT71/CII/3/COMDK	BL	CIMMYT
32	Icamilmus1/3/Marsyr3	BL	ICARDA	80	RANCO//CIT71/CII/3/COMDK/4/	BL	CIMMYT
33	Icasyr1/3/Gcn//Stj/Mrb3/4/Mgnl3/A	BL	ICARDA	81	1A.1D 5+1-06/3*MOJO//RCOL/4	BL	CIMMYT

[1] *Breeding lines*

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]

34	Marsyr3/Murlagost2//T.	BL	ICARDA	82	CBC 509 CHILE/6/ECO/CMH7	BL	CIMMYT
35	Waha//Azeghar2/RedSeedTer112	BL	ICARDA	83	CANELO_8//SORA/2*PLATA_	BL	CIMMYT
36	Icasyr1/3/Bcr/Sbl5//T.urartu/4/T.Ae	BL	ICARDA	84	CANELO_8//SORA/2*PLATA_12/4/	BL	CIMMYT
37	Icarasha2 (Stj3//Bcr/Lks4/3/Ter3)	BL	ICARDA	85	ALTAR 84/BINTEPE 85/3	BL	CIMMYT
38	Marsyr3/3/Gcn//Stj/Mrb3/4/T.Aeg.Cro	BL	ICARDA	86	BYBLOS/6/PLATA_6/GREEN_17/3/	BL	CIMMYT
39	Marsyr3//Saadi1989/Chan/3/T.Aeg.	BL	ICARDA	87	BYBLOS/6/TOPDY_18/FOCHA_1//	BL	CIMMYT
40	ICAMORTA0469/4/ICAMORTA0463	BL	ICARDA	88	PLATA_10/6/MQUE/4/USDA5	BL	CIMMYT
41	Jk/Ch1613//TpolonicumIG97746	BL	ICARDA	89	ATIL/3/KNIPA/ /PLANETA/TRILE	BL	CIMMYT
42	T.Aeg.Crosses/Atlas2	BL	ICARDA	90	OROBEL//BUSHEN_4/2*GREEN	BL	CIMMYT
43	Jk/Ch1523//Atlas2/3/Mrb5/Lahaucan	BL	ICARDA	91	MÂALI/10/ALTAR 84/CMH82A	BL	CIMMYT
44	Jk/Ch1604//Ysf1/Otb6/3/Adnan2	BL	ICARDA	92	MOHAWK/4/DUKEM_1//PATKA	BL	CIMMYT
45	Icamilmus1/3/Marsyr3//Saadi1989/	BL	ICARDA	93	GUAYACAN INIA/2*SNITAN/	BL	CIMMYT
46	Mgnl3/Aghrass2/4/IcamorTA0462/	BL	ICARDA	94	ALTAR 84/STINT//SILVER_	BL	CIMMYT
47	Icasyr1//Mrf2/T.d	BL	ICARDA	95	PLATA_7/ILBOR_1//SO	BL	CIMMYT
48	Icasyr1//Mrf2/T.dids20123/6/	BL	ICARDA	96	CBC 509 CHILE/6/ECO/CM	BL	CIMMYT

به‌منظور استخراج DNA ژنومی، ابتدا بذر هر یک از ژنوتیپ‌های مورد بررسی در گلدان کشت شد و پس از رشد گیاهچه‌های مورد نیاز، استخراج DNA از برگ‌های جوان بر اساس دستورالعمل CTAB انجام شد (Doyle and Doyle 1987). کیفیت DNA استخراجی توسط الکتروفورز ژل آگارز ۰/۸ درصد مورد بررسی قرار گرفت. در این تحقیق از ۱۵ آغازگر SCoT استفاده شد اما تنها ۱۲ مورد از این آغازگرها الگوهای باندی قابل امتیازدهی ایجاد نمودند که مشخصات هر کدام از آن‌ها در جدول ۲ ارائه شده است.

پس از بهینه‌سازی شرایط تکثیر، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز در حجم ۲۰ میکرولیتر (شامل۱۰ میکرولیتر Master mix 2X PCR(Ampliqon, ID: 5200300-1250، ٦ میکرولیتر آب دیونیزه، ۲ میکرولیتر آغازگر (با غلظت۱۰ پیکومول در میکرولیتر) و ۲ میکرولیتر DNA ژنومی با استفاده از دستگاه ترموسایکلر BIORAD مدل T-100 انجام شد. شرایط دمایی واکنش‌های PCR به‌صورت یک مرحله واسرشت‌سازی اولیه در ۹٤ درجه سلسیوس به مدت ٤ دقیقه و سپس ۳۵ چرخه با دمای ۹٤ درجه به مدت یک دقیقه برای واسرشت‌سازی، دمای بهینه شده برای هر آغازگر به مدت ٤٥ ثانیه جهت اتصال آغازگرها و دمای ۷۲ سلسیوس به مدت دو دقیقه جهت همانند سازی و در نهایت ۷ دقیقه دمای ۷۲ درجه سلسیوس جهت بسط نهایی تنظیم شد. محصول واکنش‌های تکثیری بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد با بافر TBE تفکیک و با استفاده از رنگ‌آمیزی با (kiagen Teb Safeview II (Co.LTD آشکارسازی و سپس بر اساس وجود یا عدم وجود باند به‌ترتیب به‌صورت یک و صفر امتیازدهی شدند. شاخص‌های کارایی نشانگر همچون محتوای اطلاعات چندشکل[1](PIC)، شاخص نشانگر[2](MI) و قدرت تمایز[3](Rp) بر اساس روابط ارائه شده توسط (Powell et al.1996) محاسبه شد. به‌منظور تعیین سهم واریانس ژنتیکی بین و درون جمعیت‌ها، تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) با استفاده از نرم‌افزار GenAlEx (Peakall and Smouse 2006) انجام شد.

جهت بررسی و مقایسه میزان تنوع ژنتیکی موجود در هر یک از جمعیت‌ها پارامترهای ژنتیکی نظیر درصد لوکوس‌های چندشکل، شاخص شانون، تعداد آلل‌های مؤثر و ... برآورد شدند. گروه‌بندی لاین‌های مورد بررسی بر اساس ماتریس تشابه جاکارد و به روش Neighbor-joining و همچنین تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) با استفاده از نرم‌افزار DARwin (Perrier et al. 2003) انجام شد.

نتایج و بحث

در جدول ۲ خلاصه‌ای از نتایج به‌دست آمده از الگوهای باندی تکثیر یافته توسط ۱۲ آغازگر مورد استفاده در این پژوهش نشان داده شده است. تعداد کل قطعات تکثیری چندشکل با میانگین

[1] Polymorphism information content
[2] Marker Index
[3] Resolving power

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]

۵/۴۲ باند به‌ازای هر آغازگر از چهار باند (مربوط به آغازگرهای SCoT-4 و SCoT-24) تا هفت باند (مربوط به آغازگر SCoT-8) متغیر بود. در بین شاخص‌های تعیین کننده کارایی یک سیستم نشانگری، شاخص PIC از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. در واقع این شاخص به تعداد آلل‌های قابل تشخیص و فراوانی آن‌ها وابسته بوده و احتمال تشخیص چندشکلی ایجاد شده توسط یک آغازگر را بین دو نمونه نشان می‌دهد (Powell et al. 1996). کارایی یک نشانگر ملکولی بستگی به میزان چندشکلی ایجاد شده و قدرت تمایز افراد مورد مطالعه دارد و در نشانگرهای غالب، آغازگرهایی که مقدار PIC آن‌ها در محدوده ۰/۲۵ تا ۰/۵۰ باشد از سودمندی خوبی برخوردار هستند و داده‌های حاصل از آن‌ها در مطالعات تنوع قابل اعتماد می‌باشند (Botstein et al. 1980). در این تحقیق بیشترین میزان محتوی اطلاعات چندشکلی مربوط به آغازگرهای SCoT-2 و SCoT-1 با مقدار ۰/۴۹ و کمترین میزان آن مربوط به آغازگر SCoT-21 با مقدار ۰/۴۲ به‌دست آمد و میانگین PIC برابر ۰/۴۶ محاسبه شد که نشان‌دهنده کارایی بسیار خوب آغازگرهای مورد بررسی است. بالا بودن درصد محتوای اطلاعات چندشکلی نشان دهنده انتخاب صحیح آغازگرهای مورد استفاده برای ارزیابی ژرم پلاسم مطالعه باشد و بر این اساس می‌توان آغازگرهای مناسب با حداکثر چندشکلی را برای ژرم پلاسم های مشابه در مطالعات آتی توصیه نمود. لازم به ذکر است در یک مطالعه به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در گندم دوروم با استفاده از همین نشانگر متوسط شاخص PIC برابر ۰/۳۹ گزارش شد که نتایج این تحقیق را تایید می‌کند (Heidari et al. 2017). همچنین در مطالعه دیگری در استفاده از دو سیستم نشانگری ISSR و SCoT برای بررسی تنوع ژنتیکی موجود در ژنوتیپ‌هایی از گندم دوروم نشانگرهای SCoT بر اساس مقادیر شاخص‌های PIC، RP و MI به‌عنوان نشانگرهایی کارآمد در شناسایی چندشکلی موجود در ژرم پلاسم گندم دوروم معرفی شدند (Etminan et al. 2016).

با توجه به نتایج به‌دست آمده مشخص شد که آغازگرهای SCoT-4 و SCoT-8 به‌ترتیب با مقادیر ۴/۸۷ و ۹/۱۸ دارای کم‌ترین و بیشترین میزان قدرت تمایز (Rp) در ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در لاین‌های مورد مطالعه بودند. شاخص MI نیز برای آغازگرهای مورد استفاده در دامنه‌ای ۱/۷۰ (SCoT-24) تا ۳/۱۵ (SCoT-8) با میانگین ۲/۵۱ متغیر بود.

جدول ۲- مشخصات توالی آغازگرهای SCoT و نتایج حاصل از تکثیر PCR در ۹۶ ژنوتیپ گندم دوروم مورد مطالعه

آغازگر	Sequence) (Primer	تعداد قطعات تکثیرشده	تعداد قطعات چندشکل	قدرت تمایز	محتوای اطلاعات چندشکل	شاخص نشانگر
SCoT-2	CAACAATGGCTACCACCC	۷	۶	۶/۷۲	۰/۴۹	۲/۹۵
SCoT-3	CAACAATGGCTACCACCG	۶	۶	۶/۷	۰/۴۹	۲/۹۵
SCoT-4	CAACAATGGCTACCACCT	۶	۴	۴/۸۷	۰/۴۷	۱/۹
SCoT-5	CAACAATGGCTACCACGA	۷	۵	۶	۰/۴۷	۲/۳۹
SCoT-7	CAACAATGGCTACCACGG	۶	۵	۵/۹۵	۰/۴۸	۲/۴
SCoT-8	CAACAATGGCTACCACGT	۷	۷	۹/۱۸	۰/۴۵	۳/۱۵
SCoT-9	CAACAATGGCTACCAGCA	۷	۶	۷/۲۹	۰/۴۷	۲/۸۶
SCoT-11	AAGCAATGGCTACCACCA	۷	۶	۷/۳۱	۰/۴۷	۲/۸۵
SCoT-12	ACGACATGGCGACCAACG	۶	۶	۸/۰۲	۰/۴۴	۲/۶۵
SCoT-14	ACGACATGGCGACCACCG	۶	۵	۶/۲۵	۰/۴۶	۲/۳۴
SCoT-15	ACGACATGGCGACCGCGA	۷	۵	۶/۷۷	۰/۴۳	۲/۱۸
SCoT-21	CACCATGGCTACCACCAT	۶	۵	۶/۹۷	۰/۴۲	۲/۱۰
SCoT-24	CCATGGCTACCACCGCCA	۷	۴	۵/۳۳	۰/۴۴	۱/۷
SCoT-26	ACAATGGCTACCACCATC	۶	۶	۷/۴۵	۰/۴۷	۲/۸۲
	جمع		۷۶	۹۴/۸۱	۶/۴۵	۳۵/۲۴
	میانگین		۵/۴۲	۶/۷۷	۰/۴۶	۲/۵۱

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]

جدول ۳- نتایج واریانس داده‌های مولکولی(AMOVA) در ژنوتیپ‌های موردمطالعه با استفاده از آغازگر SCoT

درصد واریانس تبیین شده	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	واریانس تخمینی	درصد واریانس تبیین شده
بین جمعیت‌ها	۲	۵۹/۷۹۵	۲۹/۸۹۸	۰/۸۲۶	۸ ٪
درون جمعیت‌ها	۹۳	۸٤٤/۹۵۵	۹/۰۸٦	۹/۰۸٦	۹۲ ٪
جمع	۹۵	۹۰٤/۷۵	۰	۹/۹۱۱	۱۰۰ ٪

تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) بر اساس داده‌های SCoT نشان داد که ۸ درصد از تغییرات کل، مربوط به تنوع بین جمعیتی است درحالی‌که ۹۲ درصد از تغییرات با تنوع درون جمعیتی قابل توجیه می‌باشد (جدول ۳). در یک مطالعه به‌منظور بررسی پتانسیل نشانگر SCoT در بررسی تنوع ژنتیکی ۳٦ نمونه خارمریم (*Silybum marianum* L.) از مناطق مختلف خوزستان و ایلام نیز واریانس ژنتیکی درون جمعیت‌ها بیشتر از بخش بین جمعیتی به‌دست آمد (Zamani et al. 2018). برخی محققان پدیده جریان ژنی را عامل اصلی این تفاوت می‌دانند (Sorkheh et al. 2016). بالاتر بودن سهم واریانس درون جمعیتی نسبت به بین جمعیت‌ها بر اساس داده‌های ملکولی حاصل از نشانگرهای مختلف مانند CBDP و SCoT در بسیاری از مطالعات دیگر نیز گزارش شده است (Pour-Aboughadareh et al. 2017; Etminan et al, 2016; Ahmadi et al. 2019).

دامنه تغییرات میزان فاصله ژنتیکی در تجزیه داده‌های حاصل از نشانگرهای SCoT بین دو مقدار ۰/۰۹ تا ۰/۸۳ با متوسط ۰/۳۳ به‌دست آمد. بیشترین میزان فاصله ژنتیکی (۰/۸۳) بین لاین‌های شماره ۸ و ۹٤ مشاهده شد و کمترین فاصله ژنتیکی (۰/۰۹) برای دو لاین ۷۳ و ۷٦ به‌دست آمد. به‌طورکلی دقت در تخمین فاصله ژنتیکی افراد به تعداد نشانگر مورد استفاده، میزان چندشکلی و میزان پوشش ژنومی نشانگرها بستگی دارد.

به‌منظور بررسی میزان تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مورد بررسی، شاخص‌های ژنتیک جمعیت شامل تعداد الل مؤثر، مقدار هتروزیگوسی، شاخص شانون و درصد چند شکلی برای هر جمعیت محاسبه شد که نتایج آن در جدول ٤ ارائه شده است. در مقایسه بین جمعیت‌های مورد مطالعه، جمعیت با منشاء ICARDA شامل ٥٤ لاین بر اساس مقادیر هتروزیگوسی، شاخص شانون و تعداد الل مؤثر از تنوع بیشتری برخوردار بود. متوسط مقدار شاخص شانون برای لاین‌های با منشاء ICARDA برابر با ۰/٤۸ بود که درمقایسه با این مقدار برای لاین‌های با منشاء CIMMYT (۰/۳۹) بیشتر بود. همین برتری در مورد تعداد الل مؤثر (۱/٥٦ در جمعیت ICARDA در برابر ۱/٤٥ در جمعیت (CIMMYT) و هتروزیگوسی (۰/۳۲در جمعیت ICARDA در برابر ۰/۲٦ در جمعیت CIMMYT) مشاهده شد.

وجود تنوع ژنتیکی بالا درون گونه‌های ژرم‌پلاسمی با استفاده از نشانگرهای مولکولی متفاوت مانند RAPD ، SCoT و ISSR توسط سایر محققان نیز گزارش شده است (Pour-Aboughadareh et al. 2017; Etminan et al, 2016; Ahmadi et al. 2019; Etminan et al. 2017; Thomas and Bebeli 2010).

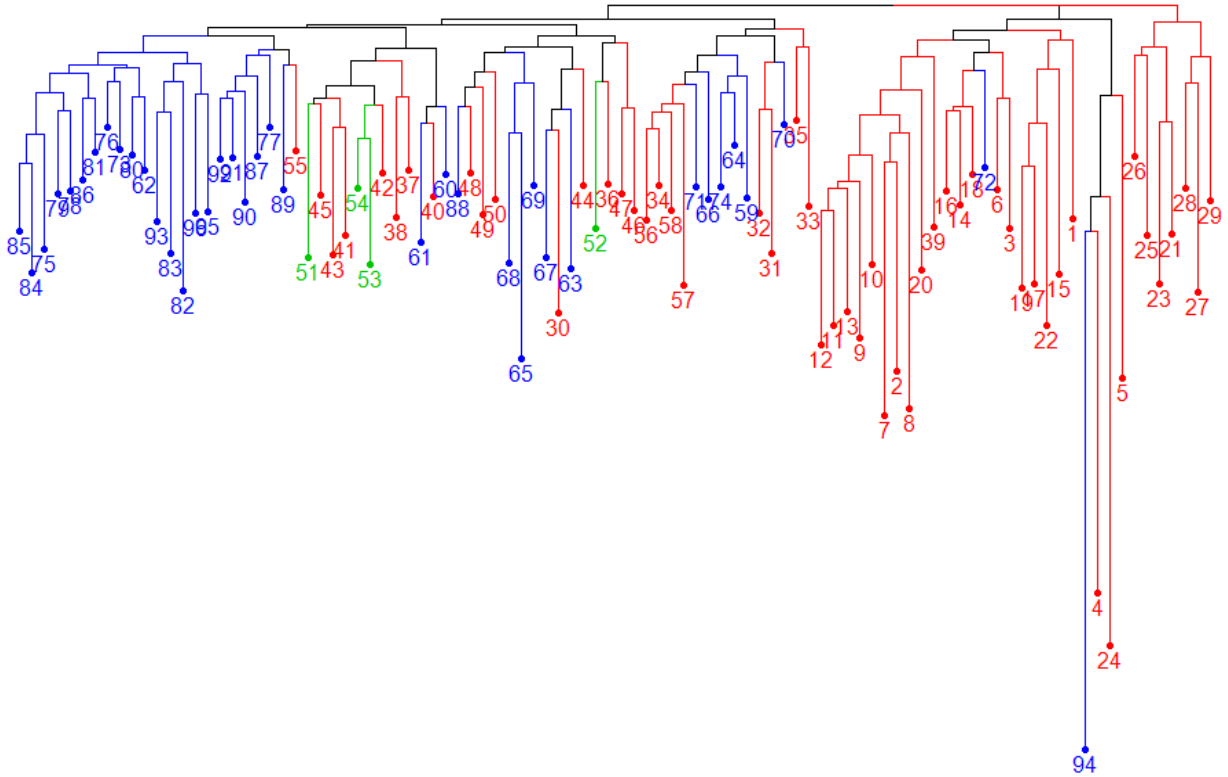
گروه‌بندی ۹٦ ژنوتیپ مورد مطالعه از سه جمعیت بر اساس داده‌های حاصل از نشانگر SCoT با استفاده از ضریب جاکارد و الگوریتم Neibour-joining صورت گرفت که دندروگرام حاصل در شکل ۱ نشان داده شده است. با توجه به دندروگرام حاصل ژنوتیپ‌های مربوط به هر جمعیت به‌طور نسبی از یکدیگر تفکیک شدند اگرچه در این بین اختلاط‌هایی نیز ملاحظه شد. در این دسته‌بندی، ژنوتیپ‌های شاهد عمدتاً همراه با ژنوتیپ‌های با منشاء ICARDA گروه‌بندی شدند.

نتیجه تجزیه به مختصات اصلی (PCoA) نیز با نتایج تجزیه خوشه‌ای تا اندازه‌ای مطابقت داشت (شکل۲). در بای پلات حاصل از تجزیه به مختصات اصلی هم گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس منشاء آن‌ها و هم وجود تنوع بیشتر در ژنوتیپ‌های با منشاء ICARDA مشهود است به‌طوری‌که این ژنوتیپ‌ها که به رنگ قرمز (در مقابل ژنوتیپ‌های با منشاء CIMMYT به رنگ آبی) نشان داده شده‌اند از پراکندگی بیشتری در صفحه مختصات برخوردارند.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]

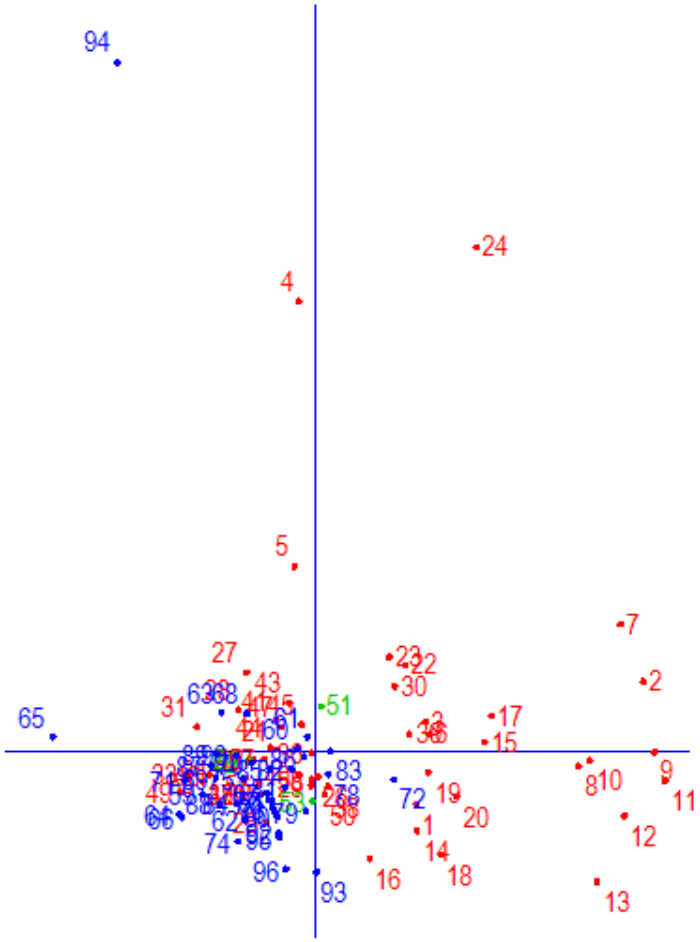
جدول ٤- شاخص‌های تنوع محاسبه شده در جمعیت‌های مورد مطالعه بر اساس نشانگر SCoT

جمعیت‌ها	شاخص آماری	شاخص تنوع جمعیت				
		N	تعداد کل آلل‌ها (Na)	تعداد آلل مؤثر (Ne)	شاخص شانون (I)	تنوع ژنتیکی نی (H)
ICARDA	میانگین	٥٤	١/٩٣٤	١/٥٥٩	٠/٤٧٩	٠/٣٢٢
	خطای استاندارد		٠/٠٣٤	٠/٠٤٠	٠/٠٢٦	٠/٠٢٠
CIMMYT	میانگین	٣٨	١/٦٣٢	١/٤٥١	٠/٣٩١	٠/٢٦٣
	خطای استاندارد		٠/٠٧٧	٠/٠٤٢	٠/٠٣١	٠/٠٢٢
Check	میانگین	٤	١/٥٧٩	١/٥٨٣	٠/٤٤٥	٠/٣١١
	خطای استاندارد		٠/٠٨٤	٠/٠٥٠	٠/٠٣٤	٠/٠٢٥



شکل١- دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر ٩٦ ژنوتیپ گندم دوروم با استفاده از ضریب فاصله جاکارد و الگوریتم Neibour-joining (ژنوتیپ‌های با منشاء ICARDA، با منشاء CIMMYT و شاهدها به‌ترتیب با رنگ قرمز، آبی و سبز نشان داده شده‌اند).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]



شکل ۲- پراکنش لاین‌های گندم دوروم بر اساس دو بردار اول حاصل از تجزیه به مختصات اصلی با استفاده از داده‌های SCoT

همچنین نتایج تجزیه به مختصات اصلی نشان دهنده پوشش ژنومی نسبتاً مناسب آغازگرهای مورد استفاده با وجود تعداد اندک آن‌ها بود که این نتیجه مجدداً بیانگر کارایی مناسب نشانگرهای SCoT در تفکیک نمونه‌های مورد مطالعه بر اساس ویژگی‌های ژنتیکی می‌باشد. در اغلب مطالعات تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت با استفاده از نشانگرهای SCoT کارایی این نشانگرها به‌خوبی مورد اشاره قرار گرفته است. به‌عنوان مثال در ارزیابی مقایسه‌ای نشانگرهای SCoT و CBDP که هر دو از گروه نشانگرهای هدفمند ژنی هستند، نشانگرهای SCoT در بررسی تنوع ژنتیکی موجود در توده‌های مختلف Aegilops نسبت به نشانگرهای CBDP از لحاظ شاخص‌های آگاهی بخش سیستم نشانگری بهتری گزارش شد و مشخص شد که آغازگرهای SCoT به‌خوبی می‌توانند در شناسایی قطعات اختصاصی در گونه‌های Aegilops بهتر از نشانگرهای CBDP عمل نمایند (Pour-Aboughadareh et al. 2019).

نتیجه‌گیری کلی

به‌طورکلی نتایج به‌دست آمده از این تحقیق بیانگر تنوع ژنتیکی نسبتاً بالایی در لاین‌های اصلاحی مورد مطالعه بود که دارای دو منشاء مختلف CIMMYT و ICARDA بودند و در مقایسه این دو جمعیت، ژنوتیپ‌های متعلق به جمعیت ICARDA بر اساس تمامی شاخص‌های تنوع برآورد شده و همچنین نتایج تجزیه‌های آماری انجام شده از تنوع بیشتری برخوردار بودند. همچنین این نتایج نشان داد که سیستم نشانگری SCoT دارای پتانسیل بالایی در نشان دادن روابط ژنتیکی و گروه‌بندی افراد بر اساس ساختار ژنومی آن‌ها می‌باشد. از سوی دیگر با توجه به ماهیت طراحی آغازگرها در این سیستم نشانگری که نواحی فعال ژنوم را هدف

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]

می‌گیرد، می‌توان انتظار داشت که این نشانگرها در آزمایشات تجزیه ارتباط و نقشه‌یابی نیز بتوانند مفید واقع شوند زیرا پوشش ژنومی این نشانگرها بر مناطق واجد ژن متمرکز بوده و به‌همین دلیل در برنامه‌های کاربردی نظیر نقشه‌یابی QTL نسبت به نشانگرهای تصادفی برتری دارند (Andersen Lubberstedt 2003 and).

منابع

Ahmadi J, Fabriki-Ourang S, Pour-Aboughadareh A (2019) Evaluation of genetic diversity in Aegilops populations possessing D genome using SCoT and TRAP markers. Modern Genetics Journal 14:221-230 (In Farsi).

Andearson JR, Lubberstedt T (2003) Functional markers in plants. Trends in Plant Science 8:554-560.

Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American Journal of Human Genetics 32:314-331.

Collard BC, Mackill DJ (2009). Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. Plant Molecular Biology Reporter 27:86.

Doyle JJ, Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin 19:11-15.

Etminan A, Pour-Aboughadareh A, Mehrabi AA, Shooshtari L, Ahmadi-Rad A, Moradkhani H (2019) Molecular characterization of the wild relatives of wheat using CAAT-box derived polymorphism. Plant Biosystems 153:398-405.

Etminan A, Pour-Aboughadareh A, Mohammadi R, Ahmadi-Rad A, Noori A, Mahdavian Z, Moradi Z (2016) Applicability of start codon targeted (SCoT) and inter-simple sequence repeat (ISSR) markers for genetic diversity analysis in durum wheat genotypes. Biotechnology & Biotechnological Equipment 30:1075-1081.

Etminan A, Pour-Aboughadareh A, Mohammadi R, Ahmadi-Rad A, Noori A, Mahdavian Z, Moradi Z (2017) Evaluation of genetic diversity in a mini core collection of Iranian durum wheat germplasms. Journal of Animal and Plant Sciences 27:1582-1587.

Etminan A, Pour-Aboughadareh A, Noori A, Ahmadi-Rad A, Shooshtari L, Mahdavian Z, Yousefiazar-Khanian M (2018) Genetic relationships and diversity among wild Salvia accessions revealed by ISSR and SCoT markers. Biotechnology & Biotechnological Equipment 32:610-617.

Farahani E, Arzani A (2007) Study of Genetic Diversity of Cultivars and F1 Hybrids of Durum Wheat Using Agronomic and Morphological Traits. Journal of Science And Technology of Agriculture And Natural Resources 4:341-354 (In Farsi).

Golabadi M, Arzani A (2003) Study of Genetic Variation and Factor Analysis of Agronomic Traits in Durum Wheat. Journal of Water and Soil Science 7(1):115-127(In Farsi).

Gorji AM, Poczai P, Polgar Z, Taller J (2011) Efficiency of arbitrarily amplified dominant markers (SCoT, ISSR and RAPD) for diagnostic fingerprinting in tetraploid potato. American journal of potato research 88:226-237.

Hamidi H, Talebi R, Keshavarz F (2014) Comparative Efficiency of Functional Gene-based Markers, Start Codon Targeted Polymorphism (SCoT) and Conserved DNA-derived Polymorphism (CDDP) with ISSR Markers for Diagnostic Fingerprinting in Wheat (Triticum aestivum L.) Cereal Research Communications 42:558-567.

Hammami R, Sissons M (2020) Durum Wheat Products, Couscous. In Wheat Quality For Improving Processing And Human Health. Springer Press, http://doi.org//10.1007/978-3-030-34163-3_15. 345-366

Heidari P, Etminan A, Azizinezhad R, Khosroshahli M (2017) Genomic Variation studies in durum wheat (*Triticum turgidum* ssp. durum) using CBDP, SCoT and ISSR markers. Indian Journal of Genetics and plant breeding 77:379-386.

Lozhkin A, Malchikov P, Makushev A, Vasiliev O, Shashkarov L, Pushkarenko N (2020) Evaluation of spring durum wheat varieties by yield, structure and grain quality. In: Proceedings of IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. 433:012045, Cheboksary, Russia.

Mangova M, Petrova I (2007) Detection of quality diversity of durum wheat (*Triticum. durum* Desf.) using cluster and principal component analyses. Bulgarian Journal of Agricultural Science 13:301-308.

Matus IA, Hayes PM (2002) Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeats. Genome 45:1095-1106.

Melchinger A (1990) Use of molecular markers in breeding for oligogenic disease resistance. Plant breeding 104:1-19.

Mirzaei K, Mirzaghaderi G (2017) Genetic diversity analysis of Iranian *Nigella sativa* L. landraces using SCoT markers and evaluation of adjusted polymorphism information content. Plant Genetic Resources 15:64-71.

Mohammadi SA, Prasanna BM (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants, salient statistical tools and considerations. Crop Science 43:1235-1248.

Peakall R, Smous P (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic.

Pour-Aboughadareh A, Ahmadi J, Mehrabi AA, Etminan A, Moghaddam M (2017) Assessment of genetic diversity among Iranian Triticum germplasm using agro-morphological traits and start codon targeted (SCoT) markers. Cereal research communications. 45:574-586.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]

Pour-Aboughadareh A, Ahmadi J, Mehrabi AA, Etminan A, Moghaddam M (2018) Insight into the genetic variability analysis and relationships among some Aegilops and Triticum species, as genome progenitors of bread wheat, using SCoT markers. Plant Biosystems 152:694-703.

Pour-Aboughadareh A, Etminan A, Shooshtari L, Maleki-Tabrizi N (2019) Comparative assessment of SCoT and CBDP markers for investigation of genetic diversity existing in different Aegilops species. Agricultural Biotechnology Journal 11:153-174 (In Farsi).

Powell W, Morgante M, Andre C, Hanafey M, Vogel J, Tingey S, Rafalski A (1996) The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding 2:225-238.

Pradeep-Reddy M, Sarla N, Siddiq EA (2002) Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. Euphytica 128:9-17.

Rao VR, Hodgkin T (2002) Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. Plant Cell, Tissue and Organ Culture 68:1-19.

Reif JC, Xia XC, Melchinger AE, Warburton ML, Hoisington DA, Beck D, Bohn M, Frisch M (2004) Genetic diversity determined within and among CIMMYT maize population of tropical, subtropical, and temperate germplasm by SSR markers. Crop Science 44:326- 334.

Singh AK, Rana MK, Singh S, Kumar S, Kumar R, Singh R (2014) CAAT box-derived polymorphism (CBDP): a novel promoter-targeted molecular marker for plants. Journal of plant biochemistry and biotechnology 23:175-183.

Sorkheh K, Amirbakhtiar N, Ercli S (2016) Potential Start Codon Targeted (SCoT) and interretrotransposon amplified polymorphism (IRAP) markers for evaluation of genetic diversity and conservation of wild pistacia species population. Biochemical Genetics 54:368-387

Spanoleti-Zeuli PL, Qualset CO (1987) Geographical diversity for quantitative spike chracters in a world collection of durum wheat. Crop Science 27:235-241.

Thomas KG, Bebeli, PJ (2010) Genetic diversity of Greek Aegilops species using different types of nuclear genome marker. Molecular Phylogenetics and Evolution 56:951-961.

Zamani N, Mirzaei K, Zamani W (2018) Evaluation of genetic diversity in several populations of medicinal Milk thistle using molecular marker. Journal of Molecular and cellular research(Iranian Journal of Biology) 31:293-305 (In Farsi).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-16]