Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 18, Issue 3, 2026 p: 89-98 OPEN ACCESS

Research Paper

Genetic Diversity Assessment of Cultivated Oat (*Avena sativa* L.) Genotypes Using the SCoT Marker

Hadis Torabimehr[1], Sohbat Bahraminejad [2,4] and Leila Zarei[3,4]

1- M. Sc. Graduated in Agricultural Biotechnology, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Faculty of Agricultural Sciences and Engineering, Razi University, Kermanshah, Iran
2- Professor, Department of Plant Production and Genetic Engineering, Campus of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran, (Corresponding author: sohbah72@gmail.com)
3- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics Engineering, Campus of Agriculture and Natural Resources, Razi University, Kermanshah, Iran
4- Cereal Research Center, Razi University, Kermanshah, Iran

Received: 30 December, 2025 Revised: 15 May, 2026 Accepted: 31 May, 2026

Extended Abstract

Background: Oat (*Avena sativa* L.), a major global cereal crop belonging to the Poaceae family, is widely cultivated for animal feed and increasingly recognized as a valuable source of nutrients for human consumption. Given the decline in the production of this crop, the conservation of its genetic resources plays a vital role in ensuring global food security. Maintenance of grain quality and yield potential is essential to enhance the nutritional and economic value of oats. This not only ensures enhanced economic return to producers but also helps oats remain competitive with other cereal crops. Understanding the genetic makeup of any plant species is a prerequisite for effective plant breeding. Utilizing the diversity within a germplasm can lead to the identification of suitable parents and superior varieties, as well as the improvement of existing agricultural traits. Recent advances in molecular tools have enabled more precise and rapid assessments of genetic diversity and intra-species relationships. Molecular markers, especially dominant DNA-based techniques such as SCoT, are key tools in genetic diversity studies. The SCoT (Start Codon Targeted) marker is a PCR-based marker designed around the conserved sequences flanking the start codons of plant genes. Its advantages include ease of use, cost-effectiveness, high polymorphism, broad genome coverage and informativeness, and widespread presence throughout the genome. Given these benefits and the high cost of evaluating genetic resources and identifying new varieties, the use of simple and economical markers, e.g., SCoT, can be a viable solution. This study assessed genetic diversity in cultivated oat (*A. sativa* L.) genotypes using the SCoT marker.

Methods: This research was conducted in 2021 at the Biotechnology Laboratory of the Department of Plant Production and Genetics Engineering at Razi University, Kermanshah, Iran. The study utilized 148 cultivated oat genotypes, obtained from the Australian Grains Genebank (AGG), with various origins. These genotypes are maintained in the seed bank of the College of Agriculture and Natural Resources at the university. Twelve SCoT primers were used to identify the genetic diversity among the 148 genotypes of cultivated oats (*A. sativa* L.). DNA from leaf samples was extracted using a modified Dellaporta method. For data analysis, cluster analysis and dendrogram cut-off points based on the Jaccard distance were determined using SYSTAT 13.0 software. The NTSYSpc 2.02 software was employed to calculate the cophenetic coefficient for cluster analysis, perform principal coordinate analysis (PCoA), and generate the genetic similarity matrix based on the Jaccard similarity coefficient.

Results: In total, 135 bands were generated by the primers, with 84 bands (61.75%) being polymorphic. The average number of total bands per primer was 11.25, while that of polymorphic bands was seven. The highest values for marker indices, including polymorphic band count, polymorphism percentage, marker index, effective multiplex ratio, and resolving power, were obtained for primer SCoT1, indicating its suitable efficiency in differentiating oat genotypes. The genetic similarity coefficients among the studied genotypes ranged from 0.32 to 0.87. The highest genetic similarity was observed between Genotypes 147 (DUNNART) and 148 (HOUDAN), while the lowest value was between Genotypes 113 (WESTON) and 131 (STORMONT IRIS). Cluster analysis based on the UPGMA algorithm and Jaccard's distance coefficient divided the oat genotypes into six groups. Most genotypes within the same group were geographically close in origin. Genotypes 116 (SANTA LUZIA) and 144 (FREJA) were positioned farthest apart on

Copyright ©2026. Torabimehr et al. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License, which allows users to read, copy, distribute, and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

the dendrogram, reflecting a significant genetic and geographical distance between them. PCoA showed that a small amount of variation was explained by the first two principal components, largely confirming the pattern of genetic diversity obtained from the cluster analysis. Considering the low percentage of variance explained by the first two components in the PCoA, the SCoT markers appeared to be well distributed across the oat genome and to have effectively scanned the entire genome.

Conclusion: The cornerstone of plant breeding research rests on genetic diversity. Without access to this diversity, breeders have little chance of creating and releasing new, improved varieties. Consequently, oat breeding programs may be relying on only a limited portion of the genetic diversity available within this crop species. Given the insufficient knowledge of the genetic potential of cultivated oats within Iran, assessing the genetic diversity of its genotypes is a crucial step. Overall, the results of the present study indicate that the SCoT marker is an effective molecular tool for evaluating genetic diversity in oat genotypes. The diversity identified in this research can be utilized in future oat breeding programs to facilitate targeted crosses and variety development. Furthermore, crossing genotypes with high genetic distance can create populations with greater diversity.

Keywords: Cluster analysis, Genetic similarity, Genome coverage, Marker indices, Principal coordinate analysis, Polymorphism

How to Cite This Article: Torabimehr, H., Bahraminejad, S., & Zarei, L. (2026). Genetic Diversity Assessment of Cultivated Oat (*Avena sativa* L.) Genotypes Using the SCoT Marker. *J Crop Breed*, 18(3), 89-98. DOI: 10.66224/jcb.2026.1640

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

مقاله پژوهشی

ارزیابی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های یولاف زراعی (*Avena sativa* L.) با استفاده از نشانگر SCoT

حدیث ترابی مهر[۱]، صحبت بهرامی نژاد[۲،۴] و لیلا زارعی[۳،۴]

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران
۲- استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران، (نویسنده مسوول: sohbah72@gmail.com)
۳- دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران
۴- مرکز تحقیقات غلات، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۱۰/۰۹ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۵/۰۲/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۳/۱۰
صفحه ۸۹ تا ۹۸

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: یولاف (*Avena sativa* L.) یکی از محصولات عمده جهان و از تیره غلات (Poaceae) به‌شمار می‌آید. امروزه یولاف به‌عنوان یکی از مهم‌ترین غلات در جهان در نظر گرفته می‌شود که استفاده اصلی آن به‌عنوان خوراک دام است و به‌عنوان منبع مواد مغذی با ارزش نیز برای مصرف انسان مورد استفاده قرار می‌گیرد. با توجه به کاهش تولید این گیاه، حفظ ذخایر ژنتیکی این گیاه نقشی حیاتی در تأمین امنیت غذایی بشر ایفا می‌کند. به‌منظور بهره‌مندی از فواید و ویژگی‌های غذایی یولاف، لازم است که کیفیت دانه و پتانسیل عملکرد آن حفظ شود تا نه‌تنها افزایش بازده اقتصادی تولید کنندگان کشاورزی حاصل شود، بلکه یولاف نیز بتواند به‌عنوان یک محصول زراعی در رقابت با سایر غلات باقی بماند. مبنای بهبود کمی و کیفی موفق محصولات زراعی، استفاده از تنوع ژنتیکی نهفته است و درک ترکیب ژنتیکی هر گونه گیاهی برای اصلاح نباتات ضروری به‌شمار می‌آید. بهره‌برداری از تنوع موجود در یک ژرم‌پلاسم می‌تواند به شناسایی والدین مناسب و ارقام بهتری منجر شود و همچنین می‌توان از این تنوع برای بهبود ویژگی‌های ارقام زراعی بهره گرفت. امروزه، پیشرفت در نشانگرهای مولکولی این امکان را فراهم کرده است که روابط بین گونه‌ها و ارزیابی دقیق‌تر و سریع‌تر تنوع ژنتیکی انجام شود. نشانگرهای مولکولی، به‌ویژه نشانگرهای مبتنی بر DNA همچون SCoT، از ابزارهای کلیدی در تحقیقات تنوع ژنتیکی به‌شمار می‌روند. نشانگر SCoT (کدون‌های آغاز هدف) یک نشانگر مبتنی بر PCR و جدید است که بر اساس توالی‌های دو طرف نواحی آغازین ژن‌های گیاهی طراحی شده است. از مزایای این نشانگر می‌توان به آسانی و کم‌هزینه بودن، چند شکلی بالا، قابلیت آشکارسازی اطلاعات ژنتیکی وسیع و فراگیر بودن آن در ژنوم اشاره کرد. با توجه به این مزایا و هزینه بالای ارزیابی منابع ژنتیکی و شناسایی ارقام، استفاده از نشانگرهای اقتصادی و ساده مانند SCoT می‌تواند تا حدی راهگشا باشد. این پژوهش با هدف بررسی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های یولاف زراعی (*Avena sativa* L.) با استفاده از نشانگر SCoT انجام شد.

مواد و روش‌ها: این پژوهش با استفاده از ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف زراعی دریافت شده از بانک بذر استرالیا (AGG) با منشاء مختلف که در بانک بذر پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه نگه‌داری می‌شوند، در آزمایشگاه بیوتکنولوژی گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی این دانشگاه در سال ۱۴۰۰ انجام شد. به‌منظور شناسایی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ های یولاف زراعی (*Avena sativa* L.)، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با استفاده از ۱۲ آغازگر SCoT بر روی DNA استخراج‌شده از برگ به روش دلاپورتا (با تغییراتی جزئی) انجام گرفت. تجزیه خوشه‌ای و نقطه برش دندروگرام با استفاده از نرم‌افزار SYSTAT13.0 انجام شد. از نرم‌افزار NTSYSpc 2.02 برای به‌دست آوردن ضریب کوفنتیک برای تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مختصات اصلی و ماتریس تشابه ژنتیکی بر اساس ضریب تشابه جاکارد استفاده شد.

یافته‌ها: در مجموع، ۱۳۵ نوار توسط آغازگرها تولید شدند که ۸۴ باند (۶۱/۷۵ درصد) چند شکل بودند. میانگین تعداد کل باندها برای هر آغازگر ۱۱/۲۵ و میانگین باندهای چندشکل هفت بود. بیشترین مقادیر شاخص‌های نشانگری، از جمله تعداد نوار چند شکل، درصد چند شکلی، شاخص نشانگری، نسبت چندشکلی موثر و قدرت تفکیک، برای آغازگر SCoT1 به‌دست آمدند که می‌تواند نشان‌دهنده‌ی توان تفکیک بالای این آغازگر در تمایز ژنوتیپ‌های یولاف باشد. ضرایب تشابه ژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از ۰/۳۲ تا ۰/۸۷ متغیر بودند. بیشترین شباهت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های ۱۴۷ (DUNNART) و ۱۴۸ (HOUDAN) و کمترین شباهت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های ۱۱۳ (WESTON) و ۱۳۱ (STORMONT IRIS) مشاهده شدند. تجزیه خوشه‌ای بر اساس روش الگوبندی UPGMA و ضریب فاصله جاکارد، ژنوتیپ‌های یولاف را به شش گروه تقسیم نمود، اکثر ژنوتیپ‌هایی که دریک گروه قرار گرفتند از نظر منشاء جغرافیایی به هم نزدیک بودند. ژنوتیپ‌های ۱۱۶ (SANTA LUZIA) و ۱۴۴ (FREJA) در دورترین فاصله بر اساس دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای نسبت به هم واقع شدندکه از لحاظ فاصله ژنتیکی و منشاء جغرافیایی از یکدیگر فاصله زیادی داشتند. تلاقی ژنوتیپ‌هایی با فاصله ژنتیکی زیاد می‌تواند جمعیت‌هایی با تنوع بالاتر را ایجاد کند. بر اساس تجزیه به مختصات اصلی، تغییرات کمی توسط دو مؤلفه اصلی (۱۱/۵۰ درصد) توجیه شد و تا حد زیادی الگوی تنوع ژنتیکی حاصل از روش تجزیه خوشه‌ای را تأیید نمود که با توجه به میزان سهم پایین واریانس توجیه شده توسط دو مؤلفه در تجزیه به مختصات اصلی، نشانگرهای SCoT پراکنش مناسبی در ژنوم یولاف داشتند و کل ژنوم را اسکن کردند.

نتیجه‌گیری: پایه و اساس تحقیقات به‌نژادی گیاهان بر تنوع ژنتیکی استوار است؛ در حقیقت، بدون دستیابی به این تنوع، به‌نژادگران شانس چندانی برای ایجاد و ارائه ارقام اصلاح شده جدید نخواهند داشت. به‌همین دلیل، برنامه‌های اصلاحی یولاف ممکن است تنها به یک بخش محدود از تنوع ژنتیکی موجود در این گونه زراعی وابسته باشند. با توجه به عدم شناخت کافی از پتانسیل ژنتیکی یولاف زراعی در ایران، بررسی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های آن امری ضروری به‌شمار می‌آید. در مجموع، نتایج به‌دست آمده از مطالعه حاضر نشان می‌دهند که نشانگر SCoT ابزار مؤثر و قابل اعتماد برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های یولاف است و از تنوع شناسایی شده در این مطالعه می‌توان در برنامه‌های آتی به‌نژادی یولاف با هدف شناسایی تلاقی‌های هدف‌دار و توسعه ارقام استفاده نمود. علاوه بر این، تلاقی ژنوتیپ‌های با فاصله ژنتیکی زیاد به ایجاد جمعیت‌هایی با تنوع بالا می‌تواند کمک نماید.

واژه‌های کلیدی: پوشش ژنومی، تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مختصات اصلی، چندشکلی، تشابه ژنتیکی، شاخص‌های نشانگری

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

مقدمه

یولاف زراعی (جو دوسر) با نام علمی (*Avena sativa* L) و نام انگلیسی Oats گیاهی خودگشن، علفی و یک‌ساله از خانواده *Poaceae* است. از نظر تعداد کروموزوم، گونه‌های یولاف شامل انواع دیپلوئید (2n = 14)، تتراپلوئید (2n = 28) و هگزاپلوئید (2n = 42) با تعدادکروموزوم‌های پایه x = 7 هستند. گروه هگزاپلوئید مهم‌ترین گروه است که یولاف زراعی در این گروه قرار دارد (Bahraminejad & Amiri, 2016). یولاف به‌عنوان یکی از مهم‌ترین غلات جهان در نظر گرفته می‌شود که در آمار تولید غلات جهان پس از گندم، برنج، ذرت، جو و سورگوم در مرتبه ششم قرار گرفته است (Boczkowska & Tarczyk, 2013). یولاف سرشار از پروتئین، فیبر، کلسیم، ویتامین‌های مختلف، اسیدهای آمینه و آنتی‌اکسیدن است (Kim *et al*., 2021). فواید و خصوصیات زیاد یولاف در ارتقای سلامت و کیفیت تغذیه انسان و دام به هدفی مهم و حیاتی برای پرورش‌دهندگان یولاف زراعی تبدیل شده است (Valentine *et al*., 2011). طی ۵۰ سال گذشته، تولید جهانی یولاف ۵۰ درصد کاهش یافته است (Boczkowska & Tarczyk, 2013). بنا بر این، حفظ و نگه‌داری منابع ژنتیکی یولاف برای امنیت غذایی انسان دارای اهمیت است (Boczkowska & Tarczyk, 2013). اساس موفقیت برای بهبود کمی و کیفی محصولات زراعی، استفاده از تنوع ژنتیکی است و شناخت ترکیب ژنتیکی هر گونه گیاهی در اصلاح نباتات امری لازم و ضروری است (Sarvmeili *et al*., 2020). از این‌رو، امکان دارد برنامه‌های به‌نژادی یولاف به بخشی از تنوع ژنتیکی موجود در این گونه زراعی متکی باشد (Buerstmayr *et al*., 2007). مطالعه تنوع ژنتیکی فرایندی است که در آن شباهت‌ها و تفاوت‌های گونه‌ها، افراد و جمعیت‌ها با استفاده از روش‌ها و مدل‌های آماری ویژه بر اساس صفات فنوتیپی، اطلاعات شجره‌ای و یا ویژگی‌های مولکولی مورد ارزیابی قرار می‌گیرد (Mohammadi & Prasanna, 2003). امروزه، پیشرفت در ابزارهای مولکولی موجب بررسی روابط بین گونه‌ای و ارزیابی دقیق‌تر و سریع‌تر تنوع ژنتیکی شده است. نشانگرهای مولکولی، به‌ویژه نشانگرهای مبتنی بر DNA، یکی از مهم‌ترین ابزارها در مطالعه تنوع ژنتیکی هستند، که به‌عنوان مکان‌هایی روی کروموزوم امکان تجزیه و مطالعه ژنوم موجودات را برای محققین فراهم آورده‌اند و دارای مزایایی همچون چندشکلی بالا، بیان مستقل از شرایط محیطی، داشتن توارث مندلی، قابلیت قدرت تمایز بین افراد هموزیگوت و هتروزیگوت، نماینده‌ای از کل ژنوم فرد بودن، کم‌هزینه بودن و ... هستند (Collard & Mackill, 2009). نشانگر مولکولی SCoT[1] که به کدون‌های آغاز هدف معروف است، به‌عنوان یکی از نشانگرهای نوظهور مبتنی بر PCR بر اساس نواحی کوتاه حفاظت‌شده اطراف رمز شروع ATG در ژن‌های گیاهی طراحی شده است و معمولاً طول آغازگرهای آن ۱۸تا ۲۴ نوکلئوتید و محتوای CG آن‌ها ۷۰ –۵۰ درصد است (Kalendar, 2007). طول آغازگر در تکرارپذیری این نشانگر اثر مستقیم دارد. هو و ویک (Hu & Vick, 2003) به مقایسه میزان تکرارپذیری آغازگرهای ۱۲ و ۱۸ نوکلئوتیدی پرداختند. نتایج نشان دادند که آغازگرهای ۱۸ نوکلئوتیدی تکرارپذیری بالاتری نسبت به آغازگرهای ۱۲ نوکلئوتیدی داشتند. از مزایای این نشانگر می‌توان به چندشکلی بالا، فراگیر بودن آغازگرهای آن در سطح ژنوم گیاهان، آشکارسازی اطلاعات ژنتیکی و عدم نیاز به اطلاع از توالی نوکلئوتیدی ژنوم در طراحی آغازگرهای این نشانگر اشاره کرد (Collard & Mackill, 2009). نتایج مطالعه‌ای بر روی۱۰ رقم آنتریوم *A. andereanum* با استفاده از ۴۰ آغازگر RAPD و هفت آغازگر SCoT نشان دادند که نشانگر SCoT دارای کیفیت و وضوح بالاتری نسبت به نشانگر RAPD در تشخیص اطلاعات ژنومی بود (Daneshvar *et al*., 2018). مطالعه‌ای در ارتباط با بررسی تنوع ژنتیکی در ارقام یولاف زراعی با استفاده از نشانگر SCoT گزارش شده است (Zarei *et al*., 2015). نتایج مطالعات پیشین، تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای را بین ژنوتیپ‌های یولاف تأیید و نشان می‌دهند که نشانگر SCoT ابزار مناسبی برای بررسی این تنوع است. با توجه به عدم شناخت کافی از پتانسیل ژنتیکی یولاف زراعی در ایران و محدود بودن مطالعات داخلی در این زمینه، پژوهش حاضر با هدف بررسی تنوع ژنتیکی در ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف با استفاده از آغازگرهای SCoT انجام شد.

مواد و روش‌ها

این پژوهش با استفاده از ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف زراعی دریافت شده از بانک بذر استرالیا (AGG)[2] با منشأهای جغرافیایی گوناگون که در بانک بذر پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه رازی کرمانشاه نگهداری می‌شوند، در آزمایشگاه بیوتکنولوژی گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی این دانشگاه در سال ۱۴۰۰ انجام شد. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از شماره ۱۴۸–۱ کدگذاری شدند (ضمیمه ۱).

استخراج DNA

DNA با استفاده از روش دلاپورتا (Dellapporta, 1983) با مقداری تغییرات استخراج شد. کمیت و کیفیت نمونه‌های DNA استخراج‌شده با استفاده از دستگاه نانودراپ مدل Maestrogen ساخت کشور تایوان با سنجش نسبت جذب نوری (260/280 nm) و ژل آگارز ۰/۸ درصد در بافر TAE1X با استفاده از مارکر اندازه 1Kb شرکت سینا کلون تعیین شد.

واکنش PCR

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز بر اساس روش (Williams *et al*., 1990) با استفاده از ۱۲ آغازگر SCoT (جدول ۱) بر روی ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف انجام گرفت. اجزای واکنش PCR در حجم ۱۵ میکرولیتر شامل: ۷/۵ میکرولیتر Master Mix از شرکت سینا کلون با غلظت ۲x، ۳ میکرولیتر آب دوبار تقطیر، ۲/۵ میکرولیتر آغازگر با غلظت ۱۰ پیکومول در میکرولیتر و ۲ میکرولیتر DNA با غلظت ۱۰ نانوگرم در میکرولیتر بودند. چرخه‌های PCR برای هر آغازگر در دستگاه ترموسایکلر Palm- Cycler مدل CG-9600-000 اجرا شدند. برنامه چرخه حرارتی PCR شامل یک مرحله واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۱ دقیقه و ۳۵ چرخه به‌صورت واسرشته‌سازی به‌مدت ۱ دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۱ دقیقه اتصال آغازگر بسته به دمای اتصال آغازگر متفاوت بود (جدول ۱). مرحله بسط رشته به‌مدت ۹۰ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد بود. در نهایت، برای بسط نهایی ۶ دقیقه در

[1]. Start Codon Targeted

[2] Australian Grain Gene bank

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد در نظر گرفته شد. محصولات PCR به‌وسیله الکتروفورز با استفاده از ژل آگارز ۱/۲ درصد در بافر TAE 1X تفکیک شدند. برای رنگ‌آمیزی ژل از محلول اتیدیوم بروماید و برای تصویربرداری و مشاهده باندها از دستگاه ژل‌داک مدل Vilber Lourmat استفاده گردید.

آنالیز آماری

به‌منظور به‌دست آوردن داده‌های مولکولی از سایز مارکر DNA 1Kb استفاده شد. باندها به‌صورت یک (حضور باند) و صفر (عدم حضور باند) امتیازدهی شدند.

شاخص‌های نشانگری برای هر آغازگر: شامل درصد چندشکلی (تعداد نوارهای چندشکل بر تعداد کل نوارها)، محتوای اطلاعات چند شکلی (PIC)[1] با استفاده از روش (Roldan-Ruiz *et al*., 2000)، شاخص نشانگری (MI)[2] و شاخص نسبت چندشکلی موثر (EMR)[3] بر اساس روش (Powell *et al*., 1996) و قدرت تفکیک (RP)[4] با استفاده از روش (Prevost & Wilkinson, 1999) با استفاده از محیط Excel محاسبه شدند.

رابطه (۱): PIC = 1- p2- q2 محتوای اطلاعاتی چندشکلی

رابطه (۲): MI = PIC×EMR شاخص نشانگری

رابطه (۳): EMR = np×β نسبت چندشکلی موثر

رابطه (۴): RP = ∑Ib ،Ib= 1-(2×|0/5- p|) قدرت تفکیک

در معادلات فوق، p و q فراوانی آلل غالب و مغلوب، np تعداد باندهای چندشکل و β نسبت باندهای چندشکل به کل باندها هستند. تجزیه خوشه‌ای و نقطه برش دندروگرام با استفاده از نرم‌افزار SYSTAT13.0 انجام شدند. برای به‌دست آوردن ضریب کوفنتیک تجزیه خوشه‌ای بر اساس الگوریتم UPGMA، تجزیه به مختصات اصلی و ماتریس تشابه ژنتیکی بر اساس ضریب تشابه جاکارد از نرم‌افزار NTSYSpc 2.02 استفاده شد.

جدول ۱- اطلاعات آغازگرهای SCoT مورد استفاده در این مطالعه

Table 1. Information of SCoT primers used in this study

نام آغازگر Primer name	توالی آغازگر (′۳–′۵) Primer sequence (5′–3′)	دمای اتصال (درجه سانتی‌گراد) Ta (°C)
SCoT1	CAACAATGGCTACCACCA	57.7
SCoT2	CAACAATGGCGACCACGC	59.1
SCoT12	ACGACATGGCGACCAACG	62
SCoT13	ACGACATGGCGACCATCG	60.7
SCoT14	ACGACATGGCGACCACGC	54
SCoT16	ACCATGGCTACCACCGCC	50
SCoT22	AACCATGGCTACCACCAC	60.7
SCoT25	ACCATGGCTACCACCGGG	57.6
SCoT28	CCATGGCTACCACCGCCA	50
SCoT29	CCATGGCTACCACCGGCC	60.7
SCoT33	CCATGGCTACCACCGCAG	58.9
SCoT36	GCAACAATGGCTACCACC	61

نتایج و بحث

بررسی تنوع ژنتیکی

نتایج به‌دست آمده از مطالعه ۱۲ آغازگر SCoT بر روی ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف درجدول ۲ آورده شده‌اند. دوازده آغازگر SCoT در مجموع ۱۳۵ باند را تولید کردند که میانگین تولید باند برای هر آغازگر (۱۱/۲۵) بود. از این تعداد، ۸۴ باند (۶۱/۷ درصد) چند شکل بودند. بالاترین درصد چندشکلی (۸۴/۶ درصد) توسط آغازگر SCoT1 و کمترین آن (۳۳/۳ درصد) توسط SCoT28 به‌دست آمدند. اندازه باندهای تولیدشده در بازه ۲۵۰ تا ۲۲۵۰ جفت باز قرار داشتند. الگوی باندی حاصل از آغازگر SCoT33 در شکل ۱ آورده شده است. بیشترین تعداد باند متعلق به آغازگرهای SCoT33، SCoT13، SCoT1 و SCoT2 به‌ترتیب با تعداد ۱۵، ۱۴، ۱۳و ۱۳ و کمترین تعداد باند متعلق به آغازگرهای SCoT14، SCoT16، SCoT28 وSCoT36 به‌ترتیب با تعداد ۸، ۹، ۹ و ۹ بودند. بیشترین محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) در آغازگر SCoT14 با مقدار (۰/۴۶) و کمترین آن با مقدار (۰/۳۰) برای آغازگرهای SCoT22 و SCoT29 به‌دست آمدند. محتوای اطلاعات چندشکلی به‌عنوان معیاری برای ارزیابی قدرت تمایز بین نشانگرها و درجه چندشکلی نشانگر استفاده می‌شود. هر چه مقدار این شاخص بیشتر باشد، نمایانگر فراوانی بالای چندشکلی برای آن مکان در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. به‌طور کلی، این شاخص نشان‌دهنده قدرت تمایز یک نشانگر بر اساس وجود و عدم وجود نوار در جمعیت است (Morris *et al*., 2000). بیشترین مقدار شاخص نشانگری برای آغازگر SCoT1 با مقدار ۲/۹۸ و کمترین آن برای SCoT28 با مقدار ۰/۳۸ مشاهده شدند. این شاخص قدرت تفکیک و کارایی نشانگرها را با استفاده از جایگاه‌های ژنی چند شکل به‌دست آمده از نشانگرها نشان می‌دهد (Aminizadeh *et al*., 2019). آغازگر SCoT1 بیشترین نسبت چندشکلی موثر (۹/۳۱) و آغازگر SCoT28 کمترین مقدار (۱/۰۰) را برای این شاخص نشان داد. بیشترین قدرت تفکیک در بین ۱۲ آغازگر مورد بررسی را آغازگرهای SCoT1 و SCoT2 به‌ترتیب با مقادیر (۴/۸۵) و (۴/۸۲) و کمترین را آغازگرهای SCoT28 و SCoT36 به‌ترتیب با مقادیر (۱/۵۸) و (۲/۰۰) داشتند. شاخص قدرت تفکیک میزان توانایی یک سیستم نشانگری را در ایجاد باندهای قابل امتیازدهی تعیین می‌کند (Prevost & Wilkinson, 1999). با توجه به نتایج به‌دست آمده، آغازگر SCoT1 برای شاخص‌های تعداد نوار چندشکل، درصد

[1] Polymorphic Information Content
[2] Marker Index
[3] Effective Multiple Ratio
[4] Resolving Power

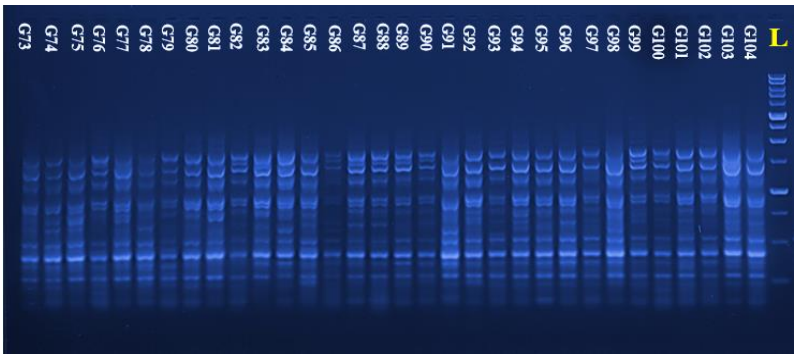
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

چندشکلی، شاخص نشانگری، نسبت چندشکلی مؤثر و قدرت تفکیک، دارای مقادیر بالایی نسبت به سایر آغازگرها بود که می‌تواند نشان‌دهنده‌ی کارایی مناسب این آغازگر در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه باشد. مطالعه‌ای توسط چاناپک و همکاران (Chňapek *et al*., 2022) با هدف بررسی تنوع ژنتیکی بر روی ۲۲ ژنوتیپ یولاف با استفاده از هفت آغازگر SCoT انجام و ۴۰ قطعه تولید شد که ۲۶ قطعه چندشکل با میانگین درصد چندشکلی ۶۵/۶۷ درصد بودند. گزارش‌هایی در ارتباط با استفاده از نشانگر SCoT جهت بررسی تنوع ژنتیکی و کارایی این نشانگر در تمایز ژنوتیپ‌ها در گیاه یولاف (Zarei *et al*., 2015)، و سایر گیاهان از جمله گندم اینکورن (Ghaderi, 2020)، بابونه (Tahani *et al*., 2019)، آژیلوپس (Ahmadi *et al*., 2019)، گندم دوروم (Akbari, 2021)، گوجه‌فرنگی (Mirzaei & Salari, 2021) خارشتر (Zabet *et al*., 2023) و پسته (Saadlou Parizi *et al*., 2022) وجود دارند. نتایج این تحقیقات حاکی از آن هستند که نشانگر SCoT کارایی مناسب و بالایی در تمایز ژنوتیپ‌ها دارد و در شناسایی چندشکلی و بررسی تنوع ژنتیکی نشانگر قابل اعتمادی است.

جدول ۲- ویژگی‌های آغازگرهای SCoT در ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف

Table 2. Characteristics of SCoT primers in 148 oat genotypes

نام آغازگر Primer name	تعداد کل باند Total bands	تعداد باند چند شکل Polymorphic band	درصد چند شکلی Polymorphism percentage	محتوای اطلاعات چند شکلی (PIC) Polymorphism information content	نسبت چند شکلی موثر Effective Multiple Ratio	شاخص نشانگری (MI) Marker index	قدرت تفکیک Power of resolution
SCoT1	13	11	84.6	0.32	9.31	2.98	4.85
SCoT2	13	9	69.2	0.35	6.23	2.19	4.82
SCoT12	11	7	63.6	0.36	4.45	1.59	3.43
SCoT13	14	7	50.0	0.36	3.50	1.27	3.55
SCoT14	8	5	62.5	0.46	3.13	1.44	3.81
SCoT16	9	7	77.8	0.33	5.44	1.77	2.97
SCoT22	11	6	54.5	0.30	3.27	0.99	2.59
SCoT25	11	8	72.7	0.31	5.82	1.82	3.58
SCoT28	9	3	33.3	0.38	1.00	0.38	1.58
SCoT29	12	8	66.7	0.30	5.33	1.58	3.23
SCoT33	15	9	60.0	0.35	5.40	1.90	4.64
SCoT36	9	4	44.4	0.34	1.78	0.60	2.00
کل Total	135	84	-	-	-	-	-
میانگین Mean±SD	11.25	7	61.7±14.4	0.35±0.04	4.56±2.22	1.54±0.70	3.42±1.05



شکل ۱- الگوهای باندی تکثیرشده برخی از ژنوتیپ‌های یولاف با استفاده از آغازگر SCoT33 .L = نشانگر تعیین اندازه 1 Kb

Figure 1. Amplified band patterns of some oat genotypes using the SCoT33 primer. L= a 1 Kb size setting indicator

ماتریس تشابه ژنتیکی جاکارد

دامنه تغییرات بر اساس ضریب تشابه جاکارد از ۰/۳۲ تا ۰/۸۷ برای ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف متغیر بود که بیانگر تنوع ژنتیکی بالا میان ژنوتیپ‌های مورد بررسی مقایسه‌ای با مطالعات قبلی است (ضمیمه ۲). بیشترین شباهت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های ۱۴۷ (منشاء استرالیا) و ۱۴۸ (منشاء فرانسه) و کمترین شباهت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های ۱۱۳ (منشاء هند) و ۱۳۱ (منشاء ایرلند) مشاهده شدند. به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در ۹۶ ژنوتیپ یولاف زراعی که قبلاً انجام شد، از ۴۰ آغازگر SSR استفاده شد و ضریب تشابه جاکارد بین ۰/۱۲ تا ۰/۹۶ بود که نشان‌دهنده‌ی تنوع ژنتیکی بالایی بین ژنوتیپ‌های یولاف بود (Kapoor & Choudhary, 2018). همچنین، نتایج بررسی ماتریس تشابه ژنتیکی جاکارد بر روی ۶۹ لاین گندم دوروم با استفاده از ۱۲ آغازگر SCoT نشان دادند که دامنه ضریب تشابه از ۰/۱۸ تا ۰/۷۴ متغیر بود که بیانگر تنوع ژنتیکی بالا در نمونه‌های مورد مطالعه بود (Akbari, 2021).

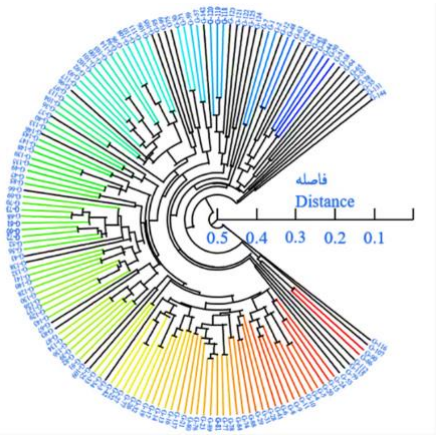
تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای بر اساس ضریب فاصله جاکارد و الگوریتم UPGMA با ضریب کوفنتیک (r =۰/۷۰) بر روی ژنوتیپ‌های مورد بررسی انجام شد (شکل۲). برای تعیین خط برش دندروگرام و تعداد مناسب گروه‌ها از شاخص F کاذب استفاده شد (شکل۳). با توجه به این که بیشترین میزان شاخص F کاذب در حالت گروه‌بندی در شش گروه مشاهده شد، ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف در فاصله تقریبی

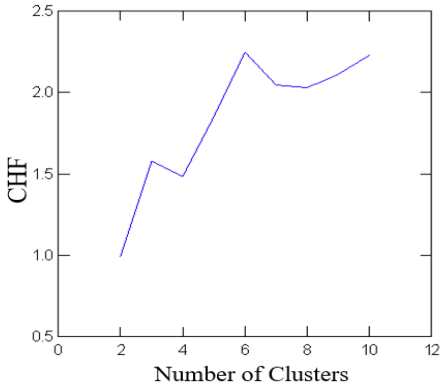
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

۰/۴ بر روی دندروگرام به شش گروه به ترتیب با تعداد ژنوتیپ‌های ۲، ۲، ۱۳، ۱۲۶، ۴ و ۱ گروه‌بندی شدند (شکل ۲). ژنوتیپ‌های موجود در گروه‌های مختلف از لحاظ شجره و منشاء دارای شباهت بودند و برخی بر اساس اطلاعات شجره، والدین مشترک داشتند. در یک گروه قرارگرفتن تعداد زیادی ژنوتیپ می‌تواند به‌دلیل مبدأ جغرافیایی یکسان، نزدیک‌بودن پیدایش، داشتن اجداد مشترک وخویشاوندی‌های احتمالی باشد (Amini *et al*., 2008). مطالعه‌ای روی ۱۷ ژنوتیپ یولاف با استفاده از هشت آغازگر SCoT انجام و تجزیه خوشه‌ای بر اساس الگوریتم UPGMA و ضریب تشابه جاکارد ژنوتیپ‌ها را به شش خوشه تقسیم‌بندی نمود (Zarei *et al*., 2015). در مطالعه‌ای توسط سیپلاک و همکاران (Cieplak *et al*., 2021) در بررسی تنوع ژنتیکی با استفاده از هفت آغازگر SCoT برروی ۲۲ ژنوتیپ یولاف (۲۰ ژنوتیپ یولاف معمولی و ۲ ژنوتیپ یولاف لخت)، ژنوتیپ‌ها به دو گروه اصلی تقسیم شدند و نتایج نشان دادند که نشانگر SCoT توانایی شناسایی و تمایز ژنوتیپ‌های یولاف معمولی و یولاف لخت را داشت. مطالعه‌ای بر روی ۹۳ ژنوتیپ گندم اینکورن با استفاده از ۱۲ آغازگرSCoT انجام شد و ژنوتیپ‌ها در ده خوشه گروه‌بندی شدند که می‌تواند نشان‌دهنده‌ی کارایی نشانگر SCoT در تفکیک ژنوتیپ‌ها و تنوع ژنتیکی بالا در گندم‌های اینکورن مورد بررسی باشد (Ghaderi, 2020). در پژوهشی بر روی ۱۴۸ لاین و رقم گندم با استفاده از ۲۰ آغازگر SSR، تجزیه خوشه‌ای لاین‌ها و ارقام را در پنج خوشه گروه‌بندی کرد. برخی لاین‌ها از نظر منشاء جغرافیایی نزدیک به هم بودند و در گروه‌های مشابه قرار گرفتند (Rahmani Asl *et al*., 2018).



شکل ۲- نمودار خوشه‌بندی ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف زراعی بر اساس ضریب فاصله جاکارد و الگوریتم UPGMA
Figure 2. The clustering diagram of 148 cultivated oat (*Avena sativa* L.) genotypes based on the Jaccard distance coefficient and the UPGMA algorithm



شکل ۳- مقدار شاخص F کاذب تجزیه خوشه‌ای ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف مورد بررسی
Figure 3. The false F index value of the cluster analysis of 148 oat genotypes in this study

تجزیه به مختصات اصلی

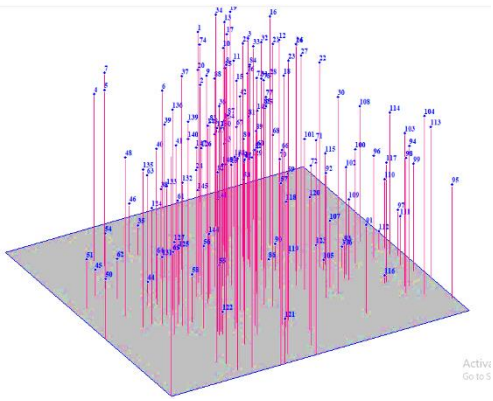
تجزیه به مختصات اصلی برای ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف بر اساس ضریب تشابه جاکارد حاصل از داده‌های ۱۲ آغازگر SCoT انجام شد. سه مولفه اول مجموعاً ۱۶/۲۲ درصد از تغییرات را به‌ترتیب با مقادیر ۶/۲۶ (مؤلفه اول)، ۵/۲۴ (مؤلفه دوم) و ۴/۷۲ (مؤلفه سوم) توجیه نمودند (جدول۳). در مطالعه‌ی شیخه‌پور (Sheikhehpour, 2014)، ۴۷ ژنوتیپ یولاف بر اساس داده‌های حاصل از نشانگر ISSR، سه مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مختصات اصلی به‌ترتیب با مقادیر ۴/۸۳، ۴/۷۴ و ۴/۲۲ درصد از واریانس کل را در توجیه نمودند. چنانچه تغییرات کمی توسط مؤلفه‌های اصلی در تجزیه به مختصات اصلی توجیه شوند، نشان‌دهنده‌ی این است که آغازگرهای مورد استفاده توزیع مناسب و یکنواختی در سطح ژنوم

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

داشته‌اند (Khounani *et al*., 2011). این میزان پایین واریانس توجیه شده، نشان‌دهنده آن است که نشانگرهای SCoT به‌دلیل ماهیت غالب و توزیع غیر تصادفی تنها بخشی از تنوع ژنتیکی یولاف را ثبت کرده‌اند. در نتیجه، آغازگرهای SCoT مورد استفاده در این پژوهش پراکندگی یکنواخت و مناسبی در ژنوم یولاف داشته‌اند و پوشش مناسبی در ژنوم دارند. جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، نمودار پراکنش سه بعدی ۱۴۸ ژنوتیپ مورد بررسی رسم شد (شکل ۵) که تا حد زیادی با گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای مطابقت داشت. در پژوهش (Rana *et al*., 2019) بر روی ۲۴ توده بومی یولاف با استفاده از ۲۴ آغازگر SSR، نتایج گروه‌بندی تجزیه به مختصات اصلی تاحد زیادی الگوی تقسیم‌بندی در تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA را تأیید کرد.

جدول ۳- نتایج حاصل از تجزیه به مختصات اصلی با استفاده از نشانگر SCoT در ژنوتیپ‌های یولاف مورد مطالعه
Table 3. The results of analysis to main coordinates using the SCoT marker in the studied oat genotypes

مولفه Component	مقدار ویژه Eigenvalue	درصد تنوع توجیه شده Percent	درصد واریانس تجمعی Cumulative
1	3.574	6.26	6.26
2	2.993	5.24	11.50
3	2.697	4.72	16.22
4	2.096	3.67	19.89
5	1.925	3.37	23.26
6	1.761	3.08	26.35
7	1.687	2.95	29.31
8	1.548	2.71	32.02
9	1.397	2.44	34.47
10	1.348	2.36	36.83
11	1.199	2.10	38.93
12	1.190	2.08	41.01
13	1.129	1.97	42.99
14	1.077	1.88	44.88
15	1.005	1.76	46.64



شکل ۴- نمودار پراکنش تجزیه به مختصات اصلی ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف با استفاده از نشانگر SCoT بر اساس مؤلفه اول و دوم
Figure 4. The distribution diagram of analysis to principal coordinates of 148 oat genotypes using the SCoT marker based on the first and second components

نتیجه‌گیری کلی

بهره‌برداری از تنوع ژنتیکی موجود در ژرم‌پلاسم گیاهان می‌تواند موجب بهبود خصوصیات ارقام زراعی و همچنین شناسایی والدین مناسب و ارقام برتر گردد. به طور کلی، نتایج این پژوهش اطلاعات سودمندی را در زمینه تنوع ژنتیکی یولاف با استفاده از نشانگر مولکولی SCoT ارائه نمود. بررسی تنوع ژنتیکی ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف مورد مطالعه با نشانگر SCoT نشان داد که آغازگرهای مورد استفاده درصد چندشکلی نسبتاً بالایی (۱۴/۴±۶۱/۷ درصد) را نشان دادند. آغازگر SCoT1 در بین ۱۲ آغازگر مورد بررسی در این مطالعه کارایی بالایی را در تمایز ژنوتیپ‌های یولاف از خود نشان داد که می‌توان این آغازگر را به‌عنوان نشانگر آگاهی بخش و مفید در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های یولاف معرفی نمود. دامنه‌ی ضرایب تشابه ژنتیکی (۰/۸۷-۰/۳۲) بیانگر تنوع ژنتیکی بالا در ژنوتیپ‌های یولاف مورد مطالعه بود. ۱۴۸ ژنوتیپ یولاف مورد بررسی توسط تجزیه خوشه‌ای به شش گروه تقسیم شدند. ژنوتیپ‌هایی که دریک گروه قرار گرفتند از نظر منشاء جغرافیایی به هم نزدیک بودند و در بین تعدادی از آن‌ها والدین مشترک مشاهده شد. ژنوتیپ‌های ۱۱۶ (SANTA LUZIA) و ۱۴۴ (FREJA) در دورترین فاصله بر اساس دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای نسبت به هم واقع شدندکه از لحاظ فاصله ژنتیکی و منشاء جغرافیایی از یکدیگر فاصله زیادی داشتند. تلاقی میان ژنوتیپ‌هایی که دارای اختلاف و فاصله ژنتیکی زیاد با یکدیگر هستند می‌تواند جمعیت‌هایی را با تنوع ژنتیکی بالاتر نسبت به والدین ایجاد کند. در تجزیه به مختصات اصلی، تغییرات کمی توسط دو مؤلفه اصلی توجیه شدند که نشان می‌دهد نشانگرهای SCoT در سطح ژنوم پراکنده بوده‌اند و توانسته‌اند بخشی از تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های یولاف را به ثبت برسانند. با این وجود، از تنوع شناسایی‌شده در این مطالعه می‌توان در جهت حفظ ذخایر ژنتیکی ارقام ارزشمند و تلاقی‌های هدفمند در برنامه‌های آتی به‌نژادی یولاف استفاده نمود.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

References

Ahmadi, J., Fabriki-Ourang, S., & Pour-Aboughadareh, A. (2019). Evaluation of genetic diversity in Aegilops populations possessing D genome using SCoT and TRAP markers [Applicable]. *Modern Genetics Journal*, 14(3), 221-230. http://mg.genetics.ir/article-1-95-fa.html. [In Persian]

Akbari, D. (2021). *Evaluation of genetic structure and relationships in durum wheat breeding lines received from ICARDA.* Razi University, Kermanshah. Iran.

Amini, F., Saeidi, G., & Arzani, A. (2008). Study of genetic diversity in safflower genotypes using agro-morphological traits and RAPD markers. *Euphytica*, 163, 21-30.

Aminizadeh, A., Mohammadi Nezhad, Q., & Nakhoda, B. (2019). Association Analysis of Agronomic Traits of Foxtail Millet Germplasm using AFLP Marker. *Agricultural Biotechnology Journal*, 11(2), 173-190. https://doi.org/10.22103/jab.2019.12104.1051. [In Persian]

Bahraminejad, S., & Amiri, R. (2016). *Oats, a forgotten crop with medicinal properties*. Razi University Press.

Boczkowska, M., & Tarczyk, E. (2013). Genetic diversity among Polish landraces of common oat (*Avena sativa* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 60, 2157-2169.

Buerstmayr, H., Krenn, N., Stephan, U., Grausgruber, H., & Zechner, E. (2007). Agronomic performance and quality of oat (*Avena sativa* L.) genotypes of worldwide origin produced under Central European growing conditions. *Field Crops Research*, 101(3), 343-351.

Chňapek, M., Mikolášova, L., Vivodík, M., Gálová, Z., Hromadová, Z., Ražná, K., & Balážová, Ž. (2022). Genetic diversity of oat genotypes using SCoT markers. Biology and Life Sciences Forum, 11(1), https://doi.org/10.3390/IECPS2021-11926.

Cieplak, M., Okoń, S., & Werwińska, K. (2021). Genetic similarity of *Avena sativa* L. varieties as an example of a narrow genetic pool of contemporary cereal species. *Plants*, 10(7), 1424. https://doi.org/https://doi.org/10.3390/plants10071424

Collard, B. C., & Mackill, D. J. (2009). Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant molecular Biology Reporter*, 27, 86-93.

Daneshvar, Z., Saeidi, A., & Beyrami Zadeh, E. (2018). Comparison of the Performance of SCoT and RAPD Markers for Study of Genetic Diversity and Relationships of Anthurium (*Anthurium andreanum*) Cultivars. *Journal of Crop Breeding*, 10(28), 101-109. https://doi.org/10.29252/jcb.10.28.101 [In Persian]

Dellapporta, S. (1983). A plant DNA mini preparation: Version II. *Plant Molecular Biology Reporter,* 1, 19-21.

Ghaderi, S. (2020). *Genomic prediction for grain zinc and iron concentrations of einkorn wheat in the west of Iran.* Razi University, Kermanshah, Iran.

Hu, J & „Vick, B. A. (2003). Target region amplification polymorphism: a novel marker technique for plant genotyping. *Plant Molecular Biology Reporter*, 21, 289-294.

Kalendar, R. (2007). FastPCR: a PCR primer design and repeat sequence searching software with additional tools for the manipulation and analysis of DNA and protein. Available at www.biocenter.helsinki.fi/programs/fastpcr.htm, Genes, Genomes and Genomics, Special Issue, 1, 1-14.

Kapoor, R., & Choudhary, K. (2018). Genetic diversity analysis of fodder oats (*Avena sativa* L.) germplasm by microsatellite markers. *Agricultural Science and Technology*, 19(6), 1367-1379 .

Khounani, Z., Naghavi, M., Omidi, M., Sabokdast, M., & Kohyakhi, E. T. (2011). Assessment of genetic diversity in the landraces of Ferula gummosa from Iran using AFLP marker. *Journal of Medicinal Plants*, 10(38), 117-126 .

Kim, I. S., Hwang, C. W., Yang, W. S., & Kim, C. H. (2021). Multiple antioxidative and bioactive molecules of oats (*Avena sativa* L.) in human health. *Antioxidants*, 10(9), 1454. https://doi.org/https://doi.org/10.3390/antiox10091454

Mirzaei, S., & Salari, H .(2021). Study on the genetic diversity of tomato's cultivars via SCoT marker. *Agricultural Biotechnology Journal*, 13(4), 101-120. https://doi.org/10.22103/jab.2021.15310.1202. [In Persian]

Mohammadi, S. A., & Prasanna, B. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants—salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43(4), 1235-1248..

Morris, P. F., Connolly, M. S., & St Clair, D. A. (2000). Genetic diversity of Alternaria alternata isolated from tomato in California assessed using RAPDs. *Mycological Research*, 104(3), 286-292.

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.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]

Prevost, A., & Wilkinson, M. (1999). A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 98, 107-112.

Rahmani Asl, R., Bernousi, I., & Abdollahi Mandulakani, B. (2018). Study of Genetic Structure and Diversity of Iranian Wheat Lines and Cultivars using SSR Markers. *Journal of Crop Breeding*, 10(28), 73-82. https://doi.org/10.29252/jcb.10.28.73 [In Persian]

Rana, M., Gupta, S., Kumar, N., Ranjan, R., Sah, R., Gajghate, R., Dwivedi, K., & Ahmed, S. (2019). Genetic architecture and population structure of Oat Landraces (Avena sativa L.) using molecular and morphological descriptors. *Indian Journal of Traditional Knowledge (IJTK)*, 18(3), 439-450 .

Roldan-Ruiz, I., Dendauw, J., Van Bockstaele ,E., Depicker, A., & De Loose, M. (2000). AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). *Molecular Breeding*, 6, 125-134.

Saadlou Parizi, M., Jahanbakhsh Godehkahriz, S., Dashti, H., Saberi Riseh, R., & Hashemi Nasab, H. (2022). Genetic Relationships of Pistacia Species and Cultivars by SCoT Markers. *Agricultural Biotechnology Journal*, 14(4), 1-20. https://doi.org/10.22103/jab.2022.18817.1374

Sarvmeili, J., Saidi, A., Farrokhi, N., Pouresmael, M., & Talebi, R. (2020). Assessment of genetic diversity and determination of population structure lentil genotypes Using SSR Markers. *Agricultural Biotechnology Journal*, 12(1), 45-62. https://doi.org/10.22103/jab.2020.13507.1114

Sheikhehpour, S., Bahraminejad, S. & Cheghamirza, K. (2014). Morphological and molecular genetic variations of oat genotypes grown in Kermanshah, Iran. *Molecular Biology Report*, 41, 4023–4030. https://doi.org/10.1007/s11033-014-3271-x

Tahani, L., Koohi Dehkordi, M., & Dehghanzade, H. (2019). Evaluation of genetic diversity among Iranian chamomilla Matricaria using Scot Markers. *Plant Genetic Researches*, 6(1), 87-98 https://doi.org/10.29252/pgr.6.1.87 [In Persian]

Valentine, J., Cowan, A., & Marshall, A. H. (2011). Oat breeding. *Oats: Chemistry and Technology*, (Ed. 2), 11-30. https://doi.org/https://doi.org/10.1094/9781891127649.002

Williams, J. G., Kubelik, A. R., Livak, K J., Rafalski, J. A., & Tingey, S. V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18(22), 6531-6535.

Zabet, M., Pishghadam, S., & Alizadeh, Z. (2023). Evaluation of genetic diversity of Alhagi maurorum ecotypes using ISSR and SCoT markers in Razavi, Northern and Southern Khorasan provinces. *Agricultural Biotechnology Journal*, 15(1), 81-106. https://doi.org/10.22103/jab.2022.18997.1383 [In Persian]

Zarei, P., Badakhshan, h., & mirzaghaderi, Q. (2015). *Investigating genetic diversity in wild and cultivated oat genotypes using the SCoT molecular marker.* The first international congress and the 13th Iranian genetics congress. Iranian Genetics Association, Tehran, Iran.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-21]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1640]