دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

بررسی تنوع ژنتیکی برخی از ژنوتیپ‌های زردآلو (*Prunus armeniaca* L.) با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره

ح. نجفی[۱]، م. زین العابدینی[۲]، پ. مجیدیان[۳]، ج. دژم پور[۴] و م. دباب[۵]

۱ و ۳ - استادیار و دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
۲- استادیار پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران
۴- استادیار موسسه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان شرقی
۵- دانش آموخته کارشناسی ارشد دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات تهران

تاریخ دریافت: ۹۰/۱۱/۱۲ تاریخ پذیرش: ۹۱/۴/۱۰

چکیده

زردآلو با نام علمی (*Prunus armeniaca* L.) متعلق به خانواده رزاسه است که بومی مناطق مدیترانه و آسیای میانه به ویژه ایران می باشد. نیاز به شرایط آب و هوایی مناسب و نیز ارزش اقتصادی بالا دو دلیل اصلی برای گستردگی کشت و کار و تنوع ژنتیکی زردآلو بشمار می رود. هدف از این مطالعه ارزیابی تنوع ژنتیکی و ساختار ژنتیکی ارقام و ژنوتیپ‌های زردآلو براساس منشا جغرافیایی آنها می باشد. بر این اساس تنوع ژنتیکی ۸۳ رقم و ژنوتیپ زردآلوی موجود در کلکسیون‌های ایران و چک با استفاده از ۱۵ آغازگر SSR نشاندار شده با فلورسنت ارزیابی گردید. در ابتدا آغازگرهای مورد نظر روی ۸۳ نمونه زردآلو مورد آزمایش قرار گرفتند که آغازگر UD5 با بیشترین مقدار چندشکلی و الگوی باندی واضح، در ادامه تحقیق مورد استفاده قرار گرفتند. بعلاوه، نتایج این تحقیق نشان داد ارقام و ژنوتیپ‌های زردآلو موجود در کلکسیون‌های ایران و چک براساس منشا و پراکندگی جغرافیایی در گروه بندی‌های مجزا قرار نمی گیرند.

واژه‌های کلیدی: زردآلو، آغازگرهای SSR نشاندار با فلورسنت، تنوع ژنتیکی

مقدمه

زردآلو با نام علمی (*Prunus armeniaca* L.) سومین مکان را از نظر اهمیت اقتصادی در میان درختان میوه به خود اختصاص داده است و به طور وسیعی در مناطق مدیترانه و آسیای میانه از جمله ایران کشت و کار می شود (۳ و ۶). بیشترین سطح تولید زردآلو در نواحی مدیترانه‌ای متمرکز شده و ایران با ۲۵۸ هزار تن بعد از ترکیه در مقام دوم قرار دارد (۱ و ۲). با توجه به تنوع بالای موجود در ارقام و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

ژنوتیپ‌های زردآلو، شناسایی و استفاده از ژرم‌پلاسم‌های موجود در برنامه‌های اصلاحی زردآلو امری حیاتی بشمار می‌آید. کاربرد نشانگرهای مولکولی در بررسی تنوع ژنتیکی اثبات شده است. در مطالعه‌ای، تنوع ژنتیکی کلکسیونی از ۲۸ رقم قدیمی زردآلو به همراه ۸ انتخاب گروهی از ارقام Bulida با استفاده از ۱۷ آغازگر ریزماهواره بررسی شد. ۱۳ آغازگر الگوی تکثیر تکرار پذیر و چندشکلی را نشان دادند (۵). به علاوه ۳۱ ژنوتیپ از بین ۳۶ اکسسیون زردآلو شناسایی شد در تحقیقی، با استفاده از ۱۶ آغازگر هسته‌ای SSR و ۱۰ آغازگر کلروپلاستی SSR تنوع ژنتیکی ۴۰ رقم بادام، ۱۸ گونه مرتبط و ۵ هیبرید بین گونه ای را ارزیابی کردند (۱۱). نشانگرهای SSR هسته ای و کلروپلاستی اجداد ژنتیکی متفاوت و یک خزانه ژنی وسیع برای توسعه ژنتیکی بادام را نشان دادند. همچنین نتایج مولکولی حاکی از وجود انتشار گسترده ارقام بادام از قاره آسیا به شرق و غرب مدیترانه بود (۱۰). به علاوه در پژوهش دیگر، ۲۵ جفت آغازگر SSR حاصل از زردآلو، هلو و بادام برای بررسی تنوع ژنتیکی ۶ رقم زردآلو به کار گرفته شد. نتایج حاکی از شناسایی وجود ۲۸۴ آلل با این آغازگرها بود. شباهت ژنتیکی بدست آمده از برنامه NTSYS بین ۰/۰۸۳ و ۰/۹۸۷ متغیر بود که نشان دهنده تنوع ژنتیکی بالا در بین ارقام زردآلو چینی است. نتایج بدست آمده از برنامه UPGMA، ۶۶ واریته زردآلو را که مطابق با منشا جغرافیایی‌شان بود، در ۵ گروه دسته‌بندی کرد. به طور مثال، بیشتر ارقام از استان‌های Sichuan و Guizhou قرار گرفتند که نشان دهنده وجود ژرم‌پلاسم‌های ویژه در این مناطق می باشد (۱۲). هدف از این تحقیق، ارزیابی کاربرد نشانگرهای SSR نشاندار شده با فلورسنت به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۸۳ نمونه از ارقام و ژنوتیپ‌های زردآلو ایران و چک و نیز ارزیابی دقیق روابط ژنتیکی و گروه‌بندی آنها براساس منشا جغرافیایی بود.

مواد و روشها

مواد گیاهی مورد نظر در این تحقیق شامل ۸۳ ژنوتیپ و رقم جمع‌آوری شده از کلکسیون‌های زردآلو تبریز و چک می‌باشد (جدول ۱). به منظور استخراج DNA ژنومی از برگ های جوان از کیت استخراج DNA (Bio Core) استفاده شد و با استفاده از روش اسپکتروفوتومتری (NANODROP 1000) و ژل آگارز (۱ درصد) مورد ارزیابی کمی و کیفی قرار گرفت. در این تحقیق، بعد از غربال‌گری اولیه، از ۱۵ آغازگر نشاندار شده با IRDye700 و IRDye800 استفاده شد (جدول ۲).

پروفایل PCR مورد استفاده شامل مرحله اول به مدت ۱ دقیقه در C° ۹۴، مرحله دوم شامل ۳۵ چرخه C° ۹۴ به مدت ۴۵ ثانیه، C° ۵۷ به مدت ۴۵ ثانیه و C° ۷۲ به مدت ۲ دقیقه و مرحله سوم C° ۷۲ به مدت ۴ دقیقه بود. محصولات حاصل از PCR در الکتروفورز

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

عمودی ژل پلی آکریل آمید ۶/۵ درصد و با کمک دستگاه (DNA analyzer 4300) تفکیک و ارزیابی شدند. آلل‌های حاصل از آغازگرهای SSR بصورت صفر و یک (یک برای مشاهده آلل و صفر در صورت عدم مشاهده آلل) امتیازدهی شدند و به منظور گروه‌بندی و تفسیر روابط ژنتیکی از روش‌های تجزیه خوشه‌ای RB و UPGMA با استفاده از نرم‌افزار GCluto v. 1.0 استفاده شد. این نرم‌افزار گروه‌ها را به دو روش، تصویر ماتریکس و سه بعدی قله مانند نمایش می دهد. در تصویر ماتریکس در سمت چپ انشعابات گره‌ها و در سمت راست عناوین ردیف‌ها آورده شده است. در تصویر قله مانند با ۳ شاخص، ارتفاع قله (شباهت درونی گروه)، حجم قله (تعداد اعضای درون هر گروه) و رنگ قله (انحراف استاندارد درونی اعضای هر گروه است که با رنگ سیاه بیانگر انحراف کم و رنگ سفید بیانگر انحراف زیاد نشان داده شده است). بررسی می‌شود (۷). با توجه به اینکه مقادیر پایداری، میانگین شباهت جفتی نمونه‌های درون یک خوشه و میانگین شباهت جفتی نمونه‌های یک خوشه با خوشه دیگر محاسبه شده در روش RB بالاتر از روش UPGMA و نیز مقدار میانگین شباهت جفتی نمونه‌های یک خوشه با خوشه دیگر محاسبه شده در روش آماری RB پایین‌تر از روش آماری UPGMA بود تنها از اطلاعات مربوط به روش RB برای دسته‌بندی نمونه‌ها استفاده شد.

نتایج و بحث

با توجه به نتایج به دست آمده از PIC، آغازگر UD5 با ۵ آلل بیشترین مقدار چندشکلی برابر با ۰/۷۴۵ و آغازگرهای BP5 و UD1 با ۲ آلل چندشکل کمترین مقدار چندشکلی به ترتیب برابر با ۰/۴۴۵ و ۰/۴۳۹ را دارا می‌باشند.

با توجه به نتایج بدست آمده، می‌توان گفت که، آغازگرهای UD5 با بیشترین PIC، بیشترین شاخص چندشکلی را نشان دادند، به این معنی که این آغازگر بهتر از همه آغازگرهای استفاده شده، توانسته است، فاصله ژنتیکی ژنوتیپ‌ها را مشخص کند، در حالیکه آغازگرهای BP5 و UD1 با کمترین مقدار شاخص چندشکلی، به خوبی توانایی جداسازی ژنوتیپ‌ها و ارقام را نداشته است (جدول ۳).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

جدول ۱- اسامی ۸۳ ژنوتیپ و رقم زردآلو جمع‌آوری شده از کلکسیون‌های تبریز و چک

شماره ردیف	نام نمونه	منشا	شماره ردیف	نام نمونه	منشا
۱	vnuk Krasnoscokogo	امریکا (US)	۴۴	Priusadebnyj	امریکا
۲	volsenbnyj	امریکا × اروپا (US×EU)	۴۵	Manicot	اروپا
۳	Krasnoscokogo Nikitskij	اروپا (EU)	۴۶	Arzam. Aromatnyj	امریکا
۴	Paviot svec	اروپا (EU)	۴۷	Keczke Mete Rosen	اروپا
۵	Oranzevo Krasno	امریکا (US)	۴۸	Pesci Orias	اروپا
۶	Harcot	امریکا	۴۹	Cina	چین
۷	Murfatlar	اروپا	۵۰	Henderson	امریکا
۸	Mai-Che Sin	چین	۵۱	Cegledi Bibor	اروپا
۹	Lebela	امریکا	۵۲	Thyrintos	اروپا
۱۰	Leskora	امریکا	۵۳	Olimp	اروپا × ایران
۱۱	NJA 19	امریکا	۵۴	M 56	هیبرید بین گونه ای
۱۲	Tilton	امریکا	۵۵	HS610	ایران
۱۳	AC807	ایران	۵۶	HS621	ایران
۱۴	HS217	ایران	۵۷	HS615	ایران
۱۵	HS627	ایران	۵۸	HS320	ایران
۱۶	HS513	ایران	۵۹	HS201	ایران
۱۷	HS607	ایران	۶۰	ارداباد	ایران
۱۸	HS919	ایران	۶۱	کانینو	ایران
۱۹	HS729	ایران	۶۲	قربان مراغه	ایران
۲۰	HS514	ایران	۶۳	HS216	ایران
۲۱	HS526	ایران	۶۴	AC415	ایران
۲۲	AC1004	ایران	۶۵	HS206	ایران
۲۳	AC901	ایران	۶۶	HS517	ایران
۲۴	درشت ملایر	ایران	۶۷	HS416	ایران
۲۵	کلکسیون ۲۰۸	ایران	۶۸	HS609	ایران
۲۶	کلکسیون ۱۰۷	ایران	۶۹	GM	ایران
۲۷	AC407	ایران	۷۰	تبریز ۱۰۰	ایران
۲۸	کلکسیون ۱۰۳	ایران	۷۱	HS202	امریکا × اروپا
۲۹	HS527	ایران	۷۲	Vynoslivyj	چین
۳۰	HS210	ایران	۷۳	Moi-Chua Sin	امریکا
۳۱	Poljus Juznyj	امریکائی × اروپایی	۷۴	Henderson	اروپا
۳۲	M 59	هیبرید بین گونه ای	۷۵	VP-LE-12/2	امریکا
۳۳	Curtis	امریکا	۷۶	Narjadnyj	اروپا
۳۴	M 57	هیبرید بین گونه ای	۷۷	Helena de Rosilion	اروپا
۳۵	Strepet	ایران × اروپا	۷۸	Jubilejnyj	چین
۳۶	Pastyrik	چین	۷۹	Mai-Huang	ایران
۳۷	Hargrand	امریکا	۸۰	Kabassi	امریکا
۳۸	Zard	امریکا	۸۱	Scout	اروپا
۳۹	Sabinosvska	اروپا	۸۲	Aprikose von Nancy	امریکا × اروپا
۴۰	Brig × Olymp	هیبرید بین گونه ای	۸۳	Vegama	
۴۱	M 52	هیبرید بین گونه ای			
۴۲	Churmai	امریکا			
۴۳	Orangered	امریکا			

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

جدول ۲- اطلاعات مربوط به آغازگرهای SSR

نام آغازگر	توالی آغازگر (´۳-´۵)	توالی تکراری
BPPCT001	AAT TCC CAA AGG ATG TGT ATG AG CAG GTG AAT GAG CCA AAG C	(GA)27
BPPCT002	TCG ACA GCT TGA TCT TGA CC CAA TGC CTA CGG AGA TAA AAG AC	$(AG)_{25}$
BPPCT004	CTG AGT GAT CCA TTT GCA GG AGG GCA TCT AGA CCT CAT TGT T	$(CT)_{22}$
BPPCT005	GCT AGC AGG GCA CTT GAT C ACG CGT GTA CGG TGG AT	$(AG)_{10}$
BPPCT006	GCT TGT GGC ATG GAA GC CCC TGT TTC TCA TAG AAC TCA CAT	$(AG)_{19}$
BPPCT011	TCT GAG GGC TAG AGT GGG C TGT TTC AGG AGT CGA ACA GC	$(CT)_{16}$
BPPCT012	ACT TCC ATT GTC AGG CAT CA GGA GCA ACG ATG GAG TGC	$(CT)_{13}$
BPPCT014	TTG TCT GCC TCT CAT CTT AAC C CAT CGC AGA GAA CTG AGA GC	$(AG)_{23}$
UDP96-001	AGT TTG ATT TTC TGA TGC ATC C TGC CAT AAG GAC CGG TAT GT	$(CA)_{17}$
UDP96-003	TTG CTC AAA AGT GTC GTT GC ACA CGT AGT GCA ACA CTG GC	$(CT)_{11}(CA)_{28}$
UDP96-005	GTAACGCTCGCTACCACAAA CACCCAGCTCATACACCTCA	$(AC)_{16}TG(CT)_2CA(CT)_{11}$
UDP96-008	TTGTACACACCCTCAGCCTG TGCTGAGGTTCAGGTGAGTG	$(CA)_{23}$
UDP96-015	CCTTGACCTATTTGTTCGTCA ACTAGTCAAACAATCCCCCG	$(CA)_{31}$
UDP96-018	TTCTAATCTGGGCTATGGCG GAAGTTCACATTTACGACAGGG	$(AC)_{21}$
UDP96-019	TTGGTCATGAGCTAAGAAAACA TAGTGGCACAGAGCAACACC	$(TG)_{18}(AG)_7$
UDP98-021	AAGCAGCAATTGGCAGAATC GAATATGAGACGGTCCAGAAGC	$(GA)_{22}(CA)_{11}$

جدول ۳- اطلاعات بدست آمده از آغازگرهای SSR

نام آغازگر	تعداد الل	H	PIC
BPPCT001	۴	۰/۴۸۹	۰/۴۵۸
BPPCT002	۴	۰/۴۴۹	۰/۶۵۳
BPPCT004	۴	۰/۴۶۶	۰/۶۶۸
BPPCT005	۲	۰/۲۷۴	۰/۴۴۵
BPPCT033	۳	۰/۳۱۳	۰/۵۵۶
BPPCT011	۴	۰/۴۸۹	۰/۶۹۹
BPPCT012	۴	۰/۴۵۶	۰/۶۴۷
BPPCT030	۳	۰/۳۷۶	۰/۵۴۳
UDP96-001	۲	۰/۲۸۹	۰/۴۳۹
UDP96-003	۴	۰/۴۴۸	۰/۵۲۷
UDP96-005	۵	۰/۵۴۴	۰/۷۴۵
UDP96-008	۴	۰/۲۶۸	۰/۶۵۷
UDP96-015	۳	۰/۴۲۱	۰/۴۹۲
UDP96-018	۳	۰/۲۱۱	۰/۵۹۳
UDP96-019	۳	۰/۳۲۹	۰/۵۷۹
UDP98-021	۴	۰/۴۹۳	۰/۶۳۲

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

در تحقیقی مشابه بررسی تنوع ژنتیکی زردآلوهای بومی جنوب شرقی اسپانیا با استفاده از ۱۷ آغازگر ریزماهواره بررسی شد. تعداد آلل‌های چندشکل از ۲ تا ۶ متغیر بوده و بیشترین تعداد آلل‌های چندشکل برابر با مربوط به آغازگر UD5 گزارش شد. در نتیجه از این آغازگر می‌توان برای تفکیک ارقام و ژنوتیپ‌های زردآلو استفاده کرد (۴). با مقایسه نتایج حاصل از PIC نشانگر مورد مطالعه، تنوع ژنتیکی بالایی بین نمونه‌های مورد ارزیابی دیده شد. مطالعات انجام شده مبنی بر قابلیت استفاده از نشانگرهای SSR هلو در بررسی تنوع ژنتیکی زردآلو، نتایج بدست آمده از این تحقیق را تایید می‌کنند (۸، ۹ و ۱۳).

براساس نتایج بدست آمده از روش RB، تمام نمونه‌ها در ۵ گروه مجزا قرار گرفتند. گروه ۳ دارای بیشترین تعداد نمونه‌ها و گروه ۱ دارای کمترین تعداد نمونه‌ها بودند. گروه ۱، ۲، ۴ و ۵ با داشتن بالاترین مقدار Isim (میانگین شباهت جفتی نمونه‌های درون یک گروه) برابر با یک دارای بیشترین شباهت درون گروهی و گروه ۳ با داشتن کمترین مقدار Isim برابر با ۰/۹۹۹ دارای کمترین شباهت درون گروهی بودند. بعلاوه با در نظر گرفتن فواصل قله از یکدیگر، گروه ۲ دارای بیشترین فاصله نسبت به سایر گروه‌ها و بنابراین حائز کمترین مقدار ESim (میانگین شباهت جفتی نمونه‌های یک خوشه با خوشه دیگر) می باشد (جدول ۴).

جدول ۴- تجزیه خوشه‌ای حاصل از روش RB در ۸۳ نمونه زردآلو با استفاده از آغازگرهای SSR

شماره خوشه	تعداد نمونه‌های داخل هر خوشه	Isim	Isdev	Esim	Esdev	Stability
۱	۲	۱/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۹۷۲	۰/۰۰۰	۱/۰۰۰
۲	۴	۱/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۹۶۰	۰/۰۰۰	۱/۰۰۰
۳	۶۷	۰/۹۹۹	۰/۰۰۰	۰/۹۷۷	۰/۰۰۰	۰/۸۸۰
۴	۵	۱/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۹۷۸	۰/۰۰۰	۰/۹۴۰
۵	۵	۱/۰۰۰	۰/۰۰۰	۰/۹۷۱	۰/۰۰۰	۰/۹۷۰

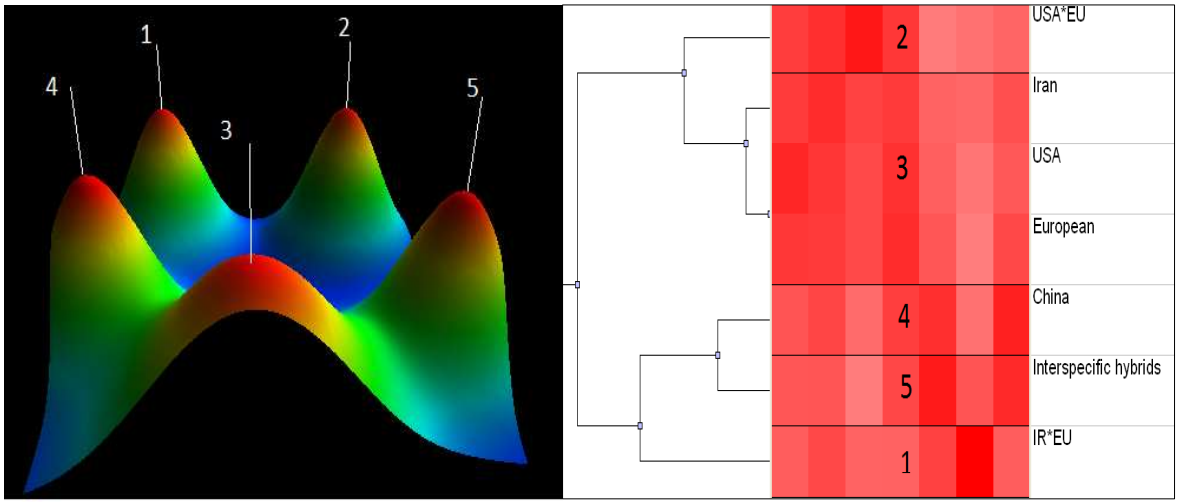
Isim= میانگین شباهت جفتی نمونه‌های درون یک خوشه، Esim= میانگین شباهت جفتی نمونه‌های یک خوشه با خوشه دیگر، Isdev and Esdev= میانگین انحراف استاندارد شباهت خارجی و داخلی و Stability= پایداری.

در گروه ۳ نمونه‌های ایرانی، امریکایی و اروپایی کنار هم قرار گرفته اند که حاکی از وجود قرابت ژنتیکی بین نمونه‌های این گروه است. بیشترین فاصله ژنتیکی بین گروه‌های ۱و ۲ که به ترتیب شامل نمونه‌های ایرانی × اروپایی و امریکایی × اروپایی بود (شکل ۱). در واقع مطالعه حاضر نشان داد که نمونه‌های زردآلو موجود مستقل از مکان‌های جغرافیایی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

گروهبندی شدند.

در مطالعه‌ای مشابه، با استفاده از ۸ آغازگر SSR تنوع ژنتیکی ۷۷ رقم زردآلو متعلق به ۵ گروه جغرافیایی شامل چین، ایران، امریکا، مدیترانه و اروپا را ارزیابی کردند. دندروگرام بدست‌آمده از روش UPGMA نشان داد که هیچ ارتباطی بین گروه‌ها براساس منشا جغرافیایی وجود ندارد (۶). این احتمال وجود دارد که ارقام زردآلو موجود در یک منطقه جغرافیایی، در اصل از مکان دیگری منشا گرفته و تحت نام جدیدی در مقصد کشت شده باشند. چنین نتایجی بدین علت رخ می‌دهد که جابجایی ژنوتیپ‌ها از منطقه‌ای به منطقه دیگر بیشتر بر پایه خصوصیات مورفولوژیکی و جمع‌آوری ژنوتیپ‌ها در کلکسیون می‌باشد که این امر لزوم دقت در استفاده همزمان از اطلاعات مولکولی و مورفولوژیکی را آشکار می‌سازد. از طرفی ممکن است با افزایش تعداد نشانگرهای مورد استفاده در این تحقیق به تفکیک بهتری در نمونه‌های مورد مطالعه دست یابیم. قابل ذکر است در این پژوهش، استفاده از تکنولوژی جدید SSR نشاندار با فلورسنت و به کمک دستگاه Licor با توجه به وجود مزایایی نظیر عدم نیاز به رنگ‌آمیزی، سرعت بالا و حساسیت زیاد در نمایان‌سازی باندها نسبت به روش‌های متداول برتری دارد.



شکل ۱- تجزیه خوشه‌ای ۸۳ نمونه زردآلو با استفاده از روش RB نرم‌افزار Gcluto V. 1.0.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

منابع

1. Badenes, M.L., J. Martínez-Calvo and G. Llàcer. 1998. Analysis of apricot germplasm from the European ecogeographical group. Euphytica. 102: 93-99.
2. Bailey, C.H. and L.F. Hough. 1975. Apricots. In: Janick, J., J.N. Moore (eds), Advances in Fruit Breeding. Purdue University Press. Indiana. pp: 367-386.
3. Faust, M., D. Surànyi and F. Nyujtó. 1998. Origin and dissemination of apricot. Horticultural Review. 22: 225-266.
4. Martinez, C., J. Rodriguez, J.L. Cenis and L. Ruiz-Garcia. 2009. Genetic variability among local apricots (*Prunus armeniaca* L.) from the Southeast of Spain. Spanish Journal of Agricultural Research. 7(4): 855-868.
5. Mehlenbacher, S.A., V. Cociu and L.F. Hough. 1991. Apricots (Prunus). In: Moore, J.N., J.R. Ballington (eds) Genetic Resources of Temprate Fruit and Nut Crops. Inter. Soc. Hort. Sci., Wageningen. pp: 65-107.
6. Pedryc, A., S. Ruthner, R. Herman and B. Krska. 2009. Genetic diversity of apricot revealed by a set of SSR markers from Linkage group G1. Science Horticulture. 121: 19-26.
7. Rasmussen, M. and G. Karypis,. 2004. gCLuto an interactive clustering, visualization amd analysis system. CSE/LIMN technical report number. 04-021.
8. Sanchez-Perez, R., D. Ruiz, F. Dicenta, J. Egea and P. Martinez-Gomez. 2005. Application of simple sequence repeat (SSR) markers in apricot breeding: molecular characterization, protection and genetic relationships. Scientia Horticulture 103: 305-315.
9. Tian-Ming, H., C. Xue-Sen, Xu. Zheng, G. Jiang-Sheng, L. Pei-Jun, L. Wen, L. Qing and W. Yan. 2007. Using SSR markers to determine the population genetic structure of wild apricot (*Prunus armeniaca* L.) in the Ily Valley of West China. Genetic Resources and Crop Evolution. 54(3): 63-572.
10. Zeinalabedini, M., M. Khayam-Nekoi, V. Grigorian, T.M. Gradziel and P. Martinez-Gomez. 2010. The origin and dissemination of the cultivated almond as determined by nuclear and chloroplast SSR marker analysis. Scientia Horticulturae. pp: 593-601.
11. Zeinalabedini, M., K. Majourhat, M. Khayam-Nekoui, V. Grigorian, M. Torchi, F. Dicenta and P. Martínez-Gómez. 2007. Molecular characterization of almond cultivars and related wild species using nuclear and chloroplast DNA markers. Journal of Food, Agriculture and Environment. 5: 242-247.
12. Zhang, S.H., L.I. Dong-Cheng, L.I. Wei-Sheng, A.M. Zhang and L.I. Shao-Hua. 2010. Analysis of Genetic Diversities in Apricot Cultivars (*Prunus armeniaca* L.) with Simple Sequence Repeat (SSR) markers. Theoretical and Applied Genetics. 37(1): 23-30.
13. Zhebentyayeva, T.N., G.L. Reighard, V.M. Gorina and A.G. Abbott. 2003. Simple sequence repeat (SSR) analysis for assessment of genetic variability in apricot germplasm. Theoretical and Applied Genetics. 106: 435-444.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]

Evaluation of Genetic Diversity Among Apricot (*Prunus Armeniaca* L.) Genotypes Using Microsatellites Markers

H. Najafi[1], M. Zeinalabedini[2], P. Majidian[3], J. Dojhampour[4] and M. Dabab[5]

1 and 3- Assistant Professor and Former M.Sc. Student of Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University
2- Assistant Professor, Biotechnology Research Institute of Iran
4- Assistant Professor, Agriculture and Natural Resources Research Center of Azarbaeijan sharghi
5- Former M.Sc. Student, Islamic Azad University, Tehran Sciences and Researches Unit

Abstract

Apricot (*Prunus armenica* L.), a fruit species of the family Rosaceae, genus *Prunus* L., is widely distributed in the Mediterranean region and the Middle East, especially in Iran. Suitable climatic conditions for apricot production and its economic importance were the main reasons for its vast area under cultivation and diversity. We studied genetic diversity of eighty three apricot genotypes and cultivars collected from new Iranian and Czech Republic collections using SSR markers. The objectives of this study were to determine the genetic structure and genotypic diversity among different eco-geographical populations. Based on the results, the UD5 marker was indicated the high level of polymorphism. In addition genotypes classified into five groups which was independent of their origin.

Keywords: Apricot, SSR markers, Genetic diversity

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-03]