



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 زردآلولی 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. علاوه، 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

از جمله ایران کشت و کار می شود (۳ و ۶). بیشترین سطح تولید زردآلو در نواحی مدیترانه‌ای متتمرکز 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

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

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 می‌باشد (۱۲). هدف از این تحقیق، ارزیابی کاربرد نشانگرهای SSR نشاندار شده با فلورسنت به منظور بررسی تنوع ژنتیکی ۸۳ نمونه از ارقام و ژنوتیپ‌های زردالو 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 زردالو تبریز و چک می‌باشد (جدول ۱). به منظور استخراج DNA ژنومی از برگ‌های جوان از کیت استخراج DNA (Bio Core) استفاده شد و با استفاده از روش اسپکتروفوتومتری (NANODROP 1000) و ژل آگارز (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 ۹۴°C، مرحله دوم شامل ۳۵ چرخه ۹۴°C به مدت ۴۵ ثانیه، ۵۷°C به مدت ۴۵ ثانیه و ۷۲°C به مدت ۲ دقیقه و مرحله سوم ۷۲°C به مدت ۴ دقیقه بود. محصولات حاصل از PCR در الکتروفورز

ژنوتیپ‌های زردالو، شناسایی و استفاده از ژرم‌پلاسم‌های موجود در برنامه‌های اصلاحی زردالو امری حیاتی بشمار می‌آید. کاربرد نشانگرهای مولکولی در بررسی تنوع ژنتیکی اثبات شده است. در مطالعه‌ای، تنوع ژنتیکی کلکسیونی از ۲۸ رقم قدیمی زردالو به همراه ۸ انتخاب گروهی از ارقام Bulida با استفاده از ۱۷ آغازگر ریزمماهواره بررسی شد. ۱۳ نشان دادند (۵). به علاوه ۳۱ ژنوتیپ از بین ۳۶ اکسیویون زردالو 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 گونه‌ای 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 زردالو، هلو و بادام برای بررسی تنوع ژنتیکی ۶ رقم زردالو به کار گرفته شد. نتایج حاکی از شناسایی وجود ۲۸۴ آلل با این آغازگرها بود. شباهت ژنتیکی بدست آمده از برنامه NTSYS بین ۰/۹۸۷ و ۰/۰۸۳ متغیر بود که نشان دهنده تنوع ژنتیکی بالا در بین ارقام زردالو چینی است. نتایج بدست آمده از برنامه UPGMA، واریته زردالو را که مطابق با منشا

خوش دیگر محاسبه شده در روش RB بالاتر از روش UPGMA و نیز مقدار میانگین شbahت جفتی نمونه‌های یک خوش با خوش 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).

عمودی ژل پلی آکریل آمید ۶/۵ درصد و با کمک دستگاه DNA analyzer 4300) تفکیک و ارزیابی SSR 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 می‌دهد. 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 (شbahت 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 شbahت جفتی نمونه‌های درون یک خوش و میانگین شbahت جفتی نمونه‌های یک خوش با

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

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

جدول ۲- اطلاعات مربوط به آغازگرهای SSR

نام آغازگر	توالی آغازگر (۵'-۳')	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	GTAACGCTCGTACCAACAAA CACCCAGCTCATACACTCA	(AC) ₁₆ TG(CT) ₂ CA(CT) ₁₁
UDP96-008	TTGTACACACCCTCAGCCTG TGCTGAGGTTCAAGGTGAGTG	(CA) ₂₃
UDP96-015	CCTTGACCTATTGTTGCGTA ACTAGTCAACACAATCCCCG	(CA) ₃₁
UDP96-018	TTCTAACATGGCTATGGCG GAAGTTCACATTACGACAGGG	(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 ال	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

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 شbahت جفتی نمونه‌های درون یک گروه) برابر با یک دارای بیشترین شbahت درون گروهی و گروه ۳ با داشتن کمترین مقدار Isim برابر با ۰/۹۹۹ دارای کمترین شbahت 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 شbahت جفتی نمونه‌های یک خوشة با خوشه دیگر) می‌باشد (جدول ۴).

در تحقیقی مشابه بررسی تنوع ژنتیکی زردآلوهای بومی جنوب شرقی اسپانیا با استفاده از ۱۷ آغازگر ریزمماهواره بررسی شد. تعداد آل‌های چندشکل از ۲ تا ۶ متغیر بوده و بیشترین تعداد آل‌های 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).

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

=Mیانگین شbahت جفتی نمونه‌های درون یک خوشه، Esim =Mیانگین شbahت جفتی نمونه‌های یک خوشه با خوشه دیگر،

=Mیانگین انحراف استاندارد شbahت خارجی و داخلی و =Stability =پایداری.

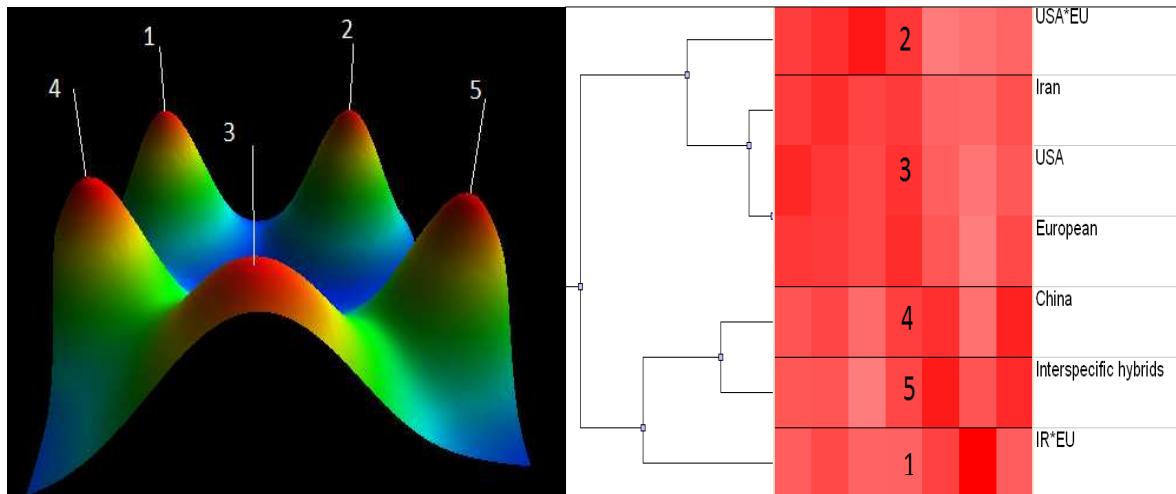
۲ که به ترتیب شامل نمونه‌های ایرانی × اروپایی و امریکایی × اروپایی بود (شکل ۱). در واقع مطالعه حاضر نشان داد که نمونه‌های زردآلو موجود مستقل از مکان‌های جغرافیایی

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 ۱ و

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.

گروه‌بندی شدند.

در مطالعه‌ای مشابه، با استفاده از ۸ آغازگر SSR تنوع ژنتیکی ۷۷ رقم زردالو 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 زردالو 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



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

منابع

1. Badenes, M.L., J. Martínez-Calvo and G. Llacer. 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. Surányi 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 Temperate 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 and 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. Torchí, 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.

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

H. Najafi¹, M. Zeinalabedini², P. Majidian³, J. Dojhampour⁴ and M. Dabab⁵

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 Azarbaijan 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