ژنتیک نوین
دوره هجدهم، شماره ۳، پاییز ۱۴۰۲
صفحه ۳۲۳ - ۳۱۳

# ارزیابی تنوع ژنتیکی در اکسشن‌های مختلف گیاه دارویی *Trigonella foenum-graecum* جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران با استفاده از نشانگرهای هدفمند ژنی

# Investigation of genetic diversity in different accessions of medicinal plant *Trigonella foenum-graecum* collected from various geographical locations of Iran using gene targeted markers

مریم بهرامی راد[۱]، شهاب خاقانی[۲]، منصور امیدی*[۳]، علیرضا اطمینان[۴]، مهدی چنگیزی[۱]

۱- به‌ترتیب دانشجوی دکتری، دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد اراک، دانشگاه آزاد اسلامی، اراک، ایران

۲- استاد، ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشکده علوم نوین، واحد تهران پزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۳- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

۴- دانشیار، گروه بیوتکنولوژی و بهنژادی گیاهی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران

**Bahramirad M[1], Khaghani Sh[2], Omidi M[*3], Etminan A[4], Changizi M[1]**

1- PhD Student, Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Arak Branch, Islamic Azad University, Arak, Iran
2- Professor, Genetics and Plant Breeding, Faculty of Advanced Science and Technology, Tehran Medical Sciences, Islamic Azad University, Tehran, Iran
3- Professor, College of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture and Natural Resources University of Tehran, Karaj, Iran
4- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: momidi@ut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۵/۱۷ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۱/۰۳)

## چکیده

**شنبلیله با نام علمی *Trigonella foenum-graecum* یکی از گیاهان دارویی و معطر می‌باشد که منبعی غنی از دو ماده ارزشمند دیوسژنین و تریگونلین است. تجزیه تنوع ژنتیکی با استفاده از روش‌های قابل اعتماد، اطلاعات مفیدی برای برنامه‌های به‌نژادی گیاهان و همچنین حفاظت از ذخایر ژنتیکی فراهم می‌کند. در این مطالعه، تنوع ژنتیکی ۴۰ ژنوتیپ شنبلیله با استفاده از دو نشانگر هدفمند ژنی مورد بررسی قرار گرفت. تعداد ۱۷ آغازگر، شامل ۷ آغازگر SCoT و ۱۰ آغازگر CBDP به‌ترتیب ۷۸ و ۹۳ قطعه ژنومی را در اکسشن‌های مورد مطالعه تکثیر نمودند که از این تعداد، به‌ترتیب ۶۵ و ۷۸ باند چندشکلی نشان دادند. متوسط شاخص محتوای اطلاعات چندشکل (PIC) برای آغازگرهای SCoT و CBDP به‌ترتیب ۰/۳۷ و ۰/۲۹ به‌دست آمد که نشان‌دهنده برتری نسبی نشانگر SCoT نسبت به CBDP از لحاظ قدرت تفکیک بود. دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر با الگوریتم UPGMA و بر مبنای ضریب فاصله Dice، ۴۰ نمونه مورد مطالعه را در چهار گروه اصلی دسته‌بندی نمود که این نتایج با نتایج تجزیه به مختصات اصلی همخوانی داشت. نتایج تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) بیانگر سهم بیشتر واریانس درون گروه‌ها در مقایسه با واریانس بین گروه‌ها بود. در بین پنج گروه جمعیتی مورد مطالعه، بیشترین مقدار شاخص‌های تنوع جمعیت نظیر تعداد الل مؤثر (۱/۵۴) شاخص شانون (۰/۴۶) و تنوع ژنی نی (۰/۳۱) مربوط به جمعیت IV بود که این نتایج بیانگر وجود تنوع بیشتر در این جمعیت در مقایسه با سایرین می‌باشد. این نتایج سطح بالایی از تنوع ژنتیکی را در میان مواد ژنتیکی مورد مطالعه نشان داد که می‌توان از پتانسیل آن در برنامه‌های به‌نژادی استفاده نمود. علاوه بر این، یافته‌های این پژوهش مشخص نمود که SCoT و CBDP به‌عنوان نشانگرهای هدفمند ژنی، نشانگرهایی مناسب و قابل اعتماد جهت انگشت‌نگاری DNA و بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های گیاهی می‌باشند.**

**واژه‌های کلیدی**

**تنوع**
**جمعیت**
**گیاه دارویی**
**نشانگر**

[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

## مقدمه

بسیاری از گیاهانی که محصولشان در تهیه غذا و انواع خوراکی‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد، دارای متابولیت‌های ثانویه ارزشمندی هستند که به‌واسطه آن به‌عنوان گیاهان دارویی شناخته می‌شوند و دارای خواص درمانی می‌باشند. شنبلیله با نام علمی *Trigonella foenum-graecum* L. یکی از گیاهان خانواده بقولات است که در کنار ارزش غذایی بالا به‌خاطر دارا بودن ترکیبات ارزشمندی مانند دیوسژنین و تریگونلین، و همچنین انواعی از آمینواسیدها مانند لیزین و تریپتوفان، موسیلاژ، روغن، آلکالوئید و فلاونوئید در گروه گیاهان دارویی ارزشمند طبقه‌بندی می‌شود (Mehrafarin et al. 2011). این گیاه از نظر ژنتیکی گیاهی خود گرده‌افشان، دیپلوئید با عدد کروموزومی (2n=16) می‌باشد (Martin et al. 2011).

یکی از اهداف مهم در به‌نژادی این گیاه به‌عنوان یک گیاه دارویی، ایجاد واریته‌هایی با محتوای بالای دیوسژنین و تریگونلین می‌باشد که در این راستا مطالعاتی نیز در زمینه بهره‌گیری از پتانسیل روش‌های زیست‌فناورانه نظیر کشت بافت و مهندسی متابولیک انجام شده است (Mehrafarin et al. 2010).

یکی از پیش‌نیازهای هر برنامه اصلاحی آگاهی از تنوع ژنتیکی است. شناخت منابع ژنتیکی و در اختیار داشتن اطلاعات جامع در خصوص تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت‌های گیاهی نقش بسیار مهمی در مدیریت منابع ژرم پلاسم و استفاده از آلل‌های مطلوب برای ایجاد ارقام مناسب بر اساس اهداف برنامه‌های به‌نژادی دارد (Mohammadi and Prasanna 2003).

فرسایش ژنتیکی تهدیدی جهانی برای تمامی گونه‌های گیاهی است. گزارش‌هایی وجود دارد که نشان می‌دهد سیستم‌های نوین کشاورزی و برنامه‌های به‌نژادی در سراسر جهان منجر به از دست رفتن چیزی در حدود سه چهارم تنوع ژنتیکی در گیاهان زراعی اصلی و مهم شده است (Al-Maamari et al. 2020). ارزیابی تنوع ژنتیکی وسیله‌ای برای حفاظت ازگونه‌های مختلف گیاهی و جلوگیری از ضعیف شدن خزانه ژنتیکی آن‌هاست و در برنامه‌های به‌نژادی جهت ورود ژن‌های مطلوب از ژرم پلاسم به درون پایه ژنتیکی بسیار مؤثر می‌باشد. ورود ژن‌های مطلوب به داخل جمعیت‌ها می‌تواند کمیت و کیفیت محصولات را تحت تأثیر قرار دهد (Rao and Hodgkin 2002).

با توجه به این که شنبلیله در گروه محصولات کشاورزی فرعی قرار دارد و سطح زیر کشت آن در مقایسه با انواع گیاهان زراعی مهم نظیر غلات، حبوبات، دانه‌های روغنی و ... بسیار کمتر می‌باشد، مانند دیگر محصولات کشاورزی فرعی کمتر از نظر ذخایر ژنتیکی و ارزیابی پتانسیل ژنتیکی مورد بررسی قرار گرفته و در حقیقت دسترسی به ژرم پلاسم آن در بانک‌های ژن در سطح پایینی قرار دارد (Zahoor, 2007; Al-Maamari et al. 2020). ارزیابی ژرم پلاسم شنبلیله در برنامه‌های بلندمدت به‌نژادی می‌تواند بسیار اهمیت داشته باشد. بدون شک بررسی تنوع ژنتیکی این گونه گیاهی نه تنها با هدف حفاظت از ژرم پلاسم و جلوگیری از فرسایش ژنتیکی، بلکه به‌منظور فراهم شدن اطلاعات لازم برای گزینش والدین مناسب در انجام تلاقی‌ها جهت ایجاد جمعیت‌های جدید با هدف اصلاح کمی و کیفی این گیاه و تولید واریته‌های تجاری ارزشمند آن می‌تواند بسیار مؤثر و مهم باشد (Al-Maamari et al. 2020).

امروزه نشانگرهای مولکولی به‌عنوان یکی از مهم‌ترین ابزارهای ارزیابی تنوع ژنتیکی در ژرم پلاسم‌های گیاهی به‌شمار می‌روند. در سال‌های اخیر چندین سیستم نشانگری جدید معرفی شده‌اند که دسته‌ای از این نشانگرها تحت عنوان نشانگرهای هدفمند ژنی[1] نامیده می‌شوند. در این میان، نشانگرهای CBDP[2] (Singh et al. 2014) و SCoT[3] (Collard and Mackill, 2009) از جمله نشانگرهای پرکاربرد و موفق در زمینه بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت می‌باشند. این نشانگرها براساس نواحی حفاظت شده چندشکلی مبتنی بر نقاط هدفمند ژنوم ایجاد می‌نمایند و از این نظر نسبت به نشانگرهای تصادفی و نیمه تصادفی مانند ISSR، AFLP ، RAPD و ... برتری دارند (Etminan et al. 2018a).

آغازگرهای CBDP متناسب با توالی‌های CAAT-box پروموتر ژن‌های گیاهان طراحی شده‌اند و طول آن‌ها به اندازه‌ای است که

[1] Gene targeted marker
[2] CAAT-Box derived polymorphism
[3] Start codon targeted



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

ضمن فراهم نمودن امکان تکثیر اختصاصی با تکرارپذیری بالا، میزان قابل قبولی از چندشکلی را ایجاد می‌نمایند. نواحی هدف تکثیر این نشانگرها در ژنوم که جزو مناطق فعال ژنوم می‌باشد نیز زمینه به‌کارگیری اطلاعات حاصل از این نشانگرها را در مطالعات ساختار جمعیت و انواع نقشه‌یابی فراهم نموده است (Singh et al. 2014).

آغازگرهای SCoT نیز بر اساس توالی‌های توافقی مجاور کدون آغاز (ATG) طراحی شده‌اند. این آغازگرها نیز با طولی برابر ۱۸ نوکلئوتید مبتنی بر یک توالی حفاظت شده طراحی شده‌اند و حداقل در یک نوکلئوتید در انتهای ′۳ با یکدیگر متفاوت می‌باشند. الگوهای باندی حاصل از این آغازگرها نیز از تکرارپذیری بالا و میزان چندشکلی مناسبی در جمعیت‌های گیاهی برخوردار است (Collard and Mackill 2009).

از نشانگرهای CBDP در مطالعات گوناگون تنوع ژنتیکی و تجزیه ساختار جمعیت‌های زراعی و وحشی گونه‌های گیاهی مختلف استفاده شده که از آن جمله می‌توان به تجزیه تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های مختلف جوجوبا (Heikrujam et al. 2015)، ارزیابی تنوع ژنتیکی در ژرم پلاسم گندم دوروم (Heidari et al. 2017)، بررسی تنوع و روابط بین گونه‌ای در دوازده گونه مختلف از ژرم پلاسم وحشی و زراعی *Aegilops sp.* و *Triticum sp.* شامل ۲۲۸ ژنوتیپ مختلف (Etminan et al. 2019)، اشاره نمود.

کاربرد موفقیت‌آمیز نشانگرهای SCoT نیز در ارزیابی تنوع ژنتیکی و مطالعه روابط بین گونه‌ای در بسیاری از گونه‌های گیاهی از جمله تجزیه ساختار ژنتیکی جمعیت لاین‌های اصلاحی و واریته‌های بومی در ژرم پلاسم گلرنگ (Talebi et al. 2018)، بررسی روابط فیلوژنتیکی بین گونه‌های مختلف گیاه دارویی مریم گلی (Etminan et al. 2018a)، ارزیابی تنوع ژنتیکی در گونه‌های وحشی و زراعی از دو جنس آژیلوپس و تریتیکوم (Pour-Aboughadareh et al. 2018)، مطالعه تنوع ژنتیکی در اکسشن‌های مختلف *T. foenum-graecum* (Daneshmand et al. 2017) و بسیاری دیگر گزارش شده است.

گزارش‌های مختلفی مبنی بر استفاده از نشانگرهای ملکولی مختلف برای بررسی تنوع ژنتیکی و انگشت‌نگاری DNA در ژرم‌پلاسم *Trigonella sp.* وجود دارد که از آن جمله می‌توان به استفاده از نشانگرهای SCoT و ISSR در بررسی تنوع ژنتیکی اکسشن‌های *T. foenum-graecum* جمع‌آوری شده از مناطق مختلف ایران (Daneshmand et al. 2017)، بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف از دو گونه *T. caerulea* و *T. foenum-graecum* با استفاده از نشانگرهای ISSR و RAPD (Dangi et al. 2004)، بررسی تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ‌های مختلفی از گونه *T. foenum-graecum* هند با استفاده از نشانگرهای RAPD، (Maloo et al. 2020)، بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های شنبلیله بومی ایران با استفاده از نشانگرهای AFLP (Ahari et al. 2014)، استفاده از نشانگرهای ISSR و RAPD در مطالعه تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف از دو گونه *T. caerulea* و *T. foenum-graecum* (Dangi et al. 2004) و استفاده از نشانگرهای AFLP در شناسایی رقم و انگشت‌نگاری ملکولی گونه *T. foenum-graecum* (Kumar et al. 2012) اشاره کرد.

هدف از این پژوهش، مطالعه تنوع ژنتیکی در اکسشن‌های مختلف متعلق به گونه *T. foenum-graecum*، با استفاده از نشانگرهای SCoT و CBDP و بررسی کارایی نشانگرهای هدفمند ژنی در برآورد چندشکلی و شناسایی میزان تنوع ژنتیکی در مطالعه حاضر می‌باشد.

## مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در این پژوهش شامل تعداد ۴۰ اکسشن مختلف از گونه *T. foenum-graecum* جمع‌آوری شده از پنج منطقه جغرافیایی مختلف ایران بود که مشخصات محل جمع‌آوری و تعداد نمونه‌ها به تفکیک هر منطقه در جدول ۱ ارائه شده است. به‌منظور استخراج DNA ژنومی بذرهای هریک از نمونه‌ها در گلدان کشت و تا زمان تولید گیاهچه در شرایط گلخانه‌ای نگهداری شد. پس از تولید گیاهچه، استخراج DNA مطابق دستورالعمل CTAB (Doyle and Doyle 1987) از بافت برگ انجام شد و سپس کیفیت DNA استخراج شده با استفاده الکتروفورز ژل آگارز ۰/۸درصد مورد تایید قرار گرفت.

به‌منظور تکثیر قطعات ژنومی با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، از دو نوع آغازگر مختلف استفاده شد؛ آغازگرهای



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

CBDP از بین توالی‌های ارائه شده توسط Singh et al. (2014) و آغازگرهای SCoT نیز براساس توالی‌های معرفی شده توسط Collard and Mackill (2009) انتخاب شدند.

از بین آغازگرهای منتخب مورد استفاده، ۱۰ آغازگر CBDP و ۷ آغازگر SCoT الگوهای باندی قابل امتیازدهی ایجاد نمودند و تجزیه و تحلیل آماری بر مبنای این تعداد آغازگر انجام شد.

جدول۱- کد اکسشن‌های مورد بررسی و مشخصات گروه بندی آن‌ها بر اساس موقعیت جغرافیایی محل جمع آوری

| محدوده جغرافیایی | استان | کد اکسشن | اندازه نمونه | گروه |
|---|---|---|---|---|
| مرکز | اصفهان<br>یزد | ۱،۲،۳،۴،۵<br>۶،۷،۸،۹،۱۰ | ۱۰ | I |
| غرب | کرمانشاه<br>کردستان | ۱۱،۱۲،۱۳،۱۴،۱۵<br>۱۶،۱۷،۱۸،۱۹ | ۹ | II |
| جنوب | کهگیلویه و بویراحمد<br>خوزستان | ۲۰،۲۱،۲۲<br>۲۳،۲۴،۲۵،۲۶ | ۷ | III |
| شمال شرق | سمنان<br>خراسان رضوی | ۲۷،۲۸،۲۹<br>۳۰،۳۱،۳۲،۳۳ | ۷ | IV |
| جنوب شرق | سیستان و بلوچستان<br>کرمان | ۳۴،۳۵،۳۶<br>۳۷،۳۸،۳۹،۴۰ | ۷ | V |

ترکیب اجزای واکنش به‌صورت ۱۰میکرولیتر Master Mix شرکت سیناکلون، ۲ میکرولیتر DNA ژنومی رقیق شده، ۲ میکرولیتر پرایمر (۱۰پیکومول بر میکرولیتر) و ۶ میکرولیتر آب دیونیزه استریل تنظیم شد و واکنش‌های تکثیر با استفاده از دستگاه ترموسایکلر Biorad مدل T-100 با برنامه دمایی شامل یک مرحله واسرشته‌سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۴ دقیقه و سپس ۳۵ چرخه حرارتی شامل واسرشته‌سازی در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، اتصال آغازگر در دمای بهینه‌شده برای هریک از آغازگرها به مدت ۴۵ ثانیه و پلیمریزاسیون (توسعه رشته) در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به‌مدت ۹۰ ثانیه تا ۲ دقیقه (به‌ترتیب برای آغازگرهای SCoT و CBDP) و در نهایت یک مرحله بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۷ دقیقه انجام شد.

محصولات PCR با استفاده از روش الکتروفورز بر روی ژل آگارز ۱/۵ درصد تفکیک و برای رنگ‌آمیزی ژل‌های الکتروفورزی از Safeview استفاده شد. پس از ثبت تصاویر الگوهای باندی، امتیازدهی باندها به‌صورت صفر و یک (به‌ترتیب برای عدم وجود باند و وجود باند) انجام شد.

به‌منظور بررسی کارایی آغازگرها در تمایز بین ژنوتیپ‌ها، میزان محتوای اطلاعات چندشکل (PIC) و شاخص نشانگر[2] (MI) برای هر آغازگر محاسبه شد. معیار PIC برای هر نشانگر از رابطه 1-∑p2i به‌دست آمد و شاخص نشانگر از حاصل‌ضرب تعداد باندهای چندشکل در مقدارPIC محاسبه شد. جهت برآورد مقادیر فواصل ژنتیکی بین جفت نمونه‌ها از ضریب فاصله Dice استفاده شد و به‌منظور گروه‌بندی نمونه‌ها، تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA انجام شد. به‌منظور انجام تجزیه‌های آماری نظیر تجزیه خوشه‌ای، تجزیه به مختصات اصلی و برآورد فواصل ژنتیکی و همچنین رسم دندروگرام، نمودار توزیع فراوانی فواصل ژنتیکی و ... از نرم‌افزارهای DARwin ver. 6 (Perrier et al. 2003) و MEGA ver. 5.1 (Tamura et al. 2011) استفاده شد. به‌منظور تجزیه و تحلیل تنوع درون و بین جمعیت‌ها، تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA) و همچنین برآورد پارامترهای ژنتیکی شامل درصد لوکوس‌های چندشکل (PPL)، شاخص شانون (I)، هتروزیگوسی (He)، تعداد آلل‌های مشاهده شده (Na) و تعداد آلل‌های مؤثر (Ne) با استفاده از نرم‌افراز GenAlEx- ver 6.5 (Peakall and Smouse 2006) انجام شد.

## نتایج و بحث

آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق در مجموع تعداد ۱۷۱ باند را در ۴۰ ژنوتیپ مورد بررسی، تکثیر نمودند که از این تعداد ۱۴۳ باند چندشکلی نشان دادند به‌طوری که از این ۱۴۳ باند چندشکل سهم آغازگرهای CBDP و SCoT به‌ترتیب ۷۸ و ۶۵ باند بود. با توجه به استفاده از ۱۰ آغازگر CBDP در مقابل ۷ آغازگر SCoT، به‌طور متوسط آغازگرهای SCoT تعداد باند

[1] Polymorphism information content
[2] Marker index



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

چندشکل بیشتری (۹/۳ باند به ازای هر آغازگر) را در مقایسه با آغازگرهای CBDP (۷/۸ باند به ازای هر آغازگر) تکثیر کردند. همچنین بیشترین تعداد باند چندشکل مربوط به SCoT-5 با ۱۲ باند بود (جدول۲).

شاخص محتوای اطلاعات چند شکل (PIC) در بین انواع شاخص‌هایی که بیانگر کارایی یک نشانگر می‌باشند از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. این شاخص به تعداد آلل‌ها و فراوانی آن‌ها وابسته بوده و احتمال تشخیص چندشکلی ایجاد شده توسط یک آغازگر را بین دو نمونه نشان می‌دهد (Powell et al. 1996). به‌عبارت دیگر شاخص PIC احتمال تشخیص چندشکلی ایجاد شده توسط یک آغازگر بین دو فرد می‌باشد که به تعداد آلل‌های قابل تشخیص و فراونی آن‌ها وابسته است. شاخص نشانگر نیز که از حاصلضرب PIC در تعداد باندهای چندشکل تکثیر شده توسط یک آغازگر به‌دست می‌آید شاخص دیگری است که می‌تواند به‌خوبی در ارزیابی قدرت تفکیک آغازگرها مورد استفاده قرارگیرد.

جدول۲- توالی آغازگرهای مورد استفاده در بررسی تنوع ژنتیکی اکسشن‌های *T. Foenum-graecum* به‌همراه شاخص‌های آگاهی‌بخش برآوردشده

| | آغازگر | توالی آغازگر | TB | PB | PP% | PIC | MI |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | CDBP-1 | TGAGCACGATCCAAT AGC | ۱۲ | ۱۱ | ۹۱ | ۰/۳۵ | ۳/۸۵ |
| 2 | CDBP-2 | TGAGCACGATCCAATAAT | ۸ | ۷ | ۸۷ | ۰/۲۰ | ۱/۴۰ |
| 3 | CDBP-3 | TGAGCACGATCCAAT ACC | ۱۱ | ۹ | ۸۲ | ۰/۲۵ | ۲/۲۵ |
| 4 | CDBP-4 | TGAGCACGATCCAAT AAG | ۹ | ۸ | ۸۹ | ۰/۳۲ | ۲/۵۶ |
| 5 | CDBP-5 | TGAGCACGATCCAAT CTA | ۷ | ۵ | ۷۱ | ۰/۳۳ | ۱/۶۵ |
| 6 | CDBP-6 | TGAGCACGATCCAAT CAG | ۱۰ | ۹ | ۹۰ | ۰/۳۳ | ۲/۹۷ |
| 7 | CDBP-7 | TGAGCACGATCCAAT CGA | ۸ | ۵ | ۶۲ | ۰/۲۶ | ۱/۳۰ |
| 8 | CDBP-8 | TGAGCACGATCCAAT CGG | ۱۰ | ۹ | ۹۰ | ۰/۳۳ | ۲/۹۷ |
| 9 | CDBP-9 | TGAGCACGATCCAAT GAT | ۸ | ۷ | ۸۷ | ۰/۲۲ | ۱/۵۴ |
| 10 | CDBP-10 | TGAGCACGATCCAAT GTT | ۱۰ | ۸ | ۸۰ | ۰/۳۶ | ۲/۸۸ |
| | | میانگین | ۹/۳ | ۷/۸ | ۸۳ | ۰/۲۹ | ۲/۳۳ |
| 11 | SCoT-1 | CAACAATGGCTACCACCA | ۱۲ | ۱۰ | ۸۳ | ۰/۳۶ | ۳/۶۰ |
| 12 | SCoT-2 | CAACAATGGCTACCACCC | ۱۱ | ۱۱ | ۱۰۰ | ۰/۳۴ | ۳/۷۴ |
| 13 | SCoT-3 | CAACAATGGCTACCACCG | ۱۱ | ۸ | ۷۳ | ۰/۴۲ | ۳/۳۶ |
| 14 | SCoT-4 | CAACAATGGCTACCACCT | ۱۰ | ۷ | ۷۰ | ۰/۴۷ | ۳/۲۹ |
| 15 | SCoT-5 | CAACAATGGCTACCACGA | ۱۴ | ۱۲ | ۸۵ | ۰/۳۶ | ۴/۳۲ |
| 16 | SCoT-6 | CAACAATGGCTACCACGC | ۱۰ | ۸ | ۸۰ | ۰/۳۳ | ۲/۶۴ |
| 17 | SCoT-7 | CAACAATGGCTACCACGG | ۱۰ | ۹ | ۹۰ | ۰/۲۹ | ۲/۶۱ |
| | | میانگین | ۱۱/۱ | ۹/۳ | ۸۳ | ۰/۳۷ | ۳/۳۶ |

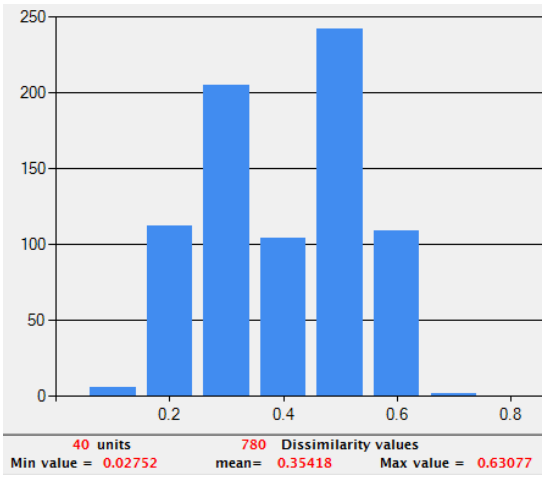
TB، PB، PP، PIC و MI به‌ترتیب بیانگر تعداد کل باند، تعداد باند چندشکل، درصد چندشکلی، محتوای اطلاعات چندشکل وشاخص نشانگر می‌باشند.



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

میانگین شاخص محتوای اطلاعات چندشکل برای آغازگرهای CBDP و SCoT به‌ترتیب برابر ۰/۲۹ و ۰/۳۷ به‌دست آمد که با توجه به حداکثر مقدار این شاخص در نشانگرهای غالب (۰/۵) مقادیر به‌دست آمده حاکی از کارایی خوب هردو نشانگر و البته برتری نشانگر SCoT نسبت به CBDP بود. مقادیر PIC برای آغازگرهای CBDP در دامنه‌ای بین ۰/۲۰ برای CBDP-2 تا ۰/۳۶ برای CBDP-10 و برای آغازگرهای SCoT در دامنه‌ای بین ۰/۲۹ برای CBDP-7 تا ۰/۴۷ برای CBDP-4 متغیر بود. بدین‌ترتیب بیشترین و کمترین مقدار PIC به‌ترتیب مربوط به آغازگرهای SCoT و CBDP بود. نتایج حاصل از برآورد شاخص MI نیز تأییدکننده این نتایج در خصوص قدرت تفکیک آغازگرهای مورد استفاده بود؛ به‌گونه‌ای که متوسط شاخص نشانگر (MI) در آغازگرهای CBDP برابر ۲/۳۳ با دامنه تغییر ۱/۳۰ تا ۳/۸۵ به‌ترتیب برای آغازگرهای CBDP-7 و CBDP-1 و در آغازگرهای SCoT برابر ۳/۳۶ با دامنه تغییر ۲/۶۱ تا ۴/۳۲ به‌ترتیب برای آغازگرهای SCoT-7 و SCoT-5 بود (جدول۲). به‌طور کلی این نتایج نشان داد که آغازگرهای مورد استفاده از کارایی قابل‌قبولی برخوردار بوده و می‌توان از این آغازگرها برای سایر مطالعات تنوع ژنتیکی استفاده کرد. کارایی نشانگرهای مورد اشاره در مطالعات تنوع ژنتیکی در گیاهان دیگر مانند گندم دوروم (Shaygan et al. 2021)، ژرم پلاسم زراعی و وحشی گندم (Etminan et al. 2018b)، گل محمدی (Asadi and Shooshtari, 2021)، گونه‌های مختلف آژیلوپس (Pour-Aboughadareh et al. 2020) نیز گزارش شده است.

به‌منظور برآورد فواصل ژنتیکی از دو ضریب فاصله جاکارد و دایس استفاده شد که با توجه به بررسی ضریب تشابه کوفنتیک بیشتر برای ضریب دایس، این ضریب مبنای محاسبات قرار گرفت. متوسط میزان فاصله ژنتیکی بین اکسشن‌ها برابر ۰/۳۵ به‌دست آمد که بیانگر فاصله نسبتا اندک و در نتیجه درجه تشابه بالا بین اکسشن‌ها بود. بر اساس ضریب فاصله دایس میزان فاصله ژنتیکی بین اکسشن‌ها از ۰/۰۳ تا ۰/۶۳ متغیر بود. بیشترین میزان فاصله ژنتیکی (۰/۶۳) بین اکسشن شماره ۲۴ (مربوط‌به استان خوزستان) با اکسشن شماره ۳۲ (از استان خراسان) و کمترین فاصله ژنتیکی (۰/۰۳) بین اکسشن‌های شماره ۳۹ و ۴۰ (هر دو متعلق به استان کرمان) مشاهده شد. توزیع فراوانی فواصل ژنتیکی برآورد شده بر اساس ضرایب مورد استفاده دایس در شکل ۱ نشان داده شده است.



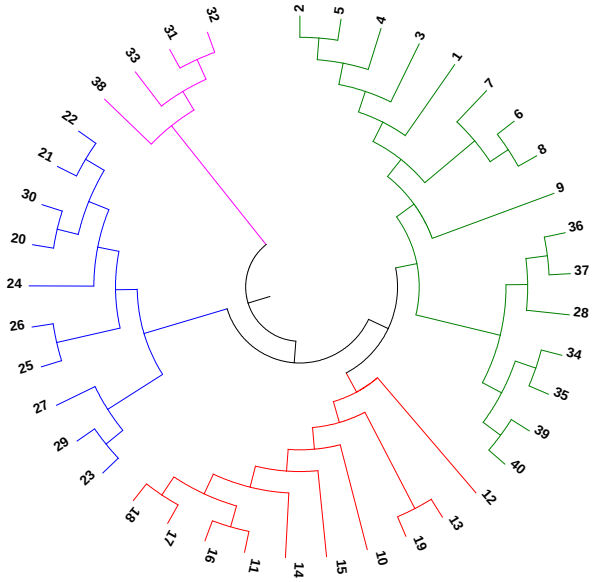

شکل۱- توزیع فراوانی فواصل ژنتیکی برآورد شده بین افراد بر اساس ضریب عدم تشابه دایس در مطالعه تنوع ژنتیکی اکسشن‌های شنبلیله با استفاده از نشانگرهای SCoT و CBDP

تجزیه کلاستر بر اساس الگوریتم UPGMA و بر مبنای ماتریس فاصله دایس ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را در چهار گروه اصلی دسته‌بندی کرد (شکل ۲). در این دسته‌بندی، ژنوتیپ‌های مربوط به نواحی مرکزی و جنوب شرق به‌طور عمده در یک گروه قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های منطقه غرب نیز با اندکی اختلاط از ژنوتیپ‌های مناطق دیگر کلاستر جداگانه‌ای تشکیل دادند. کلاستر سوم مخلوطی از ژنوتیپ‌های مناطق شمال شرق و جنوبی (عمدتاً ژنوتیپ‌های سمنان و خوزستان) بود که برخلاف دو کلاستر دیگر از نظر جغرافیایی دارای فاصله زیادی با یکدیگر بودند. گروه چهارم نیز متشکل از ژنوتیپ‌های منطقه شمال شرق بود. با توجه به نتایج حاصل اگرچه تا حدودی دسته‌بندی ژنوتیپ‌ها منطبق با موقعیت جغرافیایی محل جمع‌آوری آن‌ها بود اما براساس این نتایج نمی‌توان گروه‌بندی افراد بر اساس داده‌های ملکولی را کاملاً منطبق بر پراکنش جغرافیایی آن‌ها تلقی نمود. به‌عبارت دیگر در پاره‌ای از موارد مشاهده شد که دو اکسشن مربوط به یک ناحیه جغرافیائی با فاصله مکانی اندک در دسته‌بندی اکسشن‌ها بر اساس داده‌های مولکولی در دو گروه کاملاً جدا از هم قرار گرفتند.

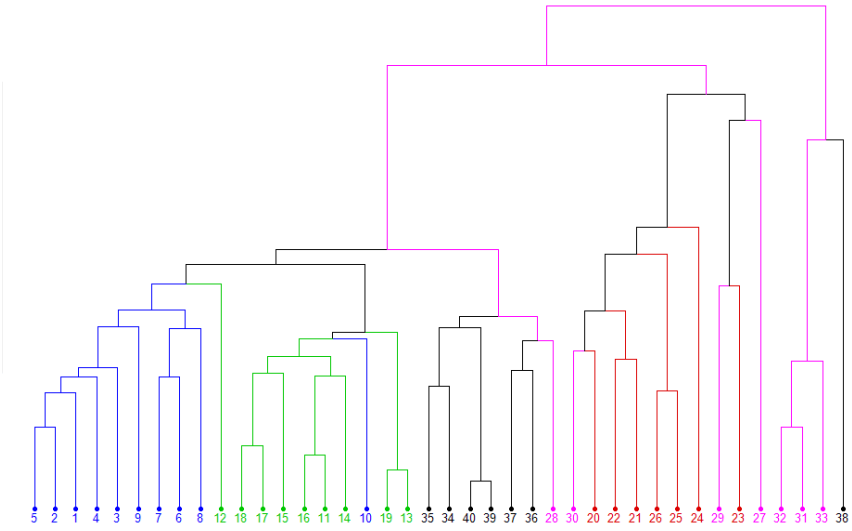


[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

مشابه چنین نتایجی در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف لوبیا با استفاده از نشانگرهای AFLP نیز گزارش شده است (Martins et al. 2006). گزارش‌های مشابه دیگری نیز در خصوص عدم انطباق گروه‌بندی افراد بر اساس داده‌های مولکولی با گروه‌بندی آن‌ها بر اساس مناطق جغرافیائی وجود دارد که از آن جمله می‌توان به بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های گیاه داروئی زیره ایرانی (*Bunium persicum*) با استفاده از نشانگرهای RAPD و AFLP (Pezhmanmehr et al. 2009)، بررسی تنوع ژنتیکی *Matricaria chamomilla* با استفاده از نشانگرهای ملکولی و ویژگی‌های مورفولوژیک (Solouki et al. 2008) و بررسی تنوع ژنتیکی در *Daucus carota* (Bradeen et al. 2002)، اشاره نمود. لازم به ذکر است اینگونه گروه‌بندی‌ها ممکن است در نتیجه زمینه ژنتیکی منحصربه‌فرد این اکسشن‌ها و درنتیجه دارا بودن ویژگی‌های خاص در توالی ژنوم باشد. از سوی دیگر قرار گرفتن اکسشن‌های متعلق به دو ناحیه جغرافیایی دور از یکدیگر در یک گروه بر اساس تجزیه داده‌های مولکولی می‌تواند به عواملی همچون جابجائی ژرم پلاسم، تعداد ناکافی آغازگرها و پوشش ژنومی ناکافی آن‌ها و یا پراکنش بسیار وسیع یک گیاه در محدوده جغرافیایی مورد مطالعه مربوط باشد.




شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر ۴۰ اکسشن *T. foenum-graecum* با استفاده از ضریب عدم تشابه دایس و الگوریتم UPGMA بر اساس داده‌های CBDP و SCoT

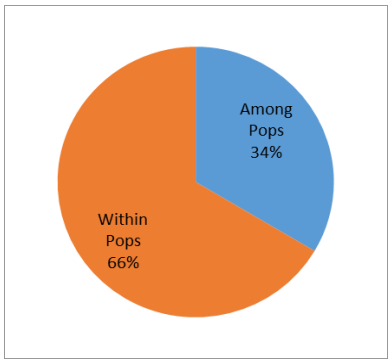



شکل ۳- نمایش ژنوتیپ‌های مربوط به هر منطقه جغرافیایی با رنگ متمایز از سایر مناطق در دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر تعداد ۴۰ ژنوتیپ *T. foenum-graecum* از ۵ منطقه جغرافیایی با استفاده از ضریب فاصله دایس و الگوریتم UPGMA بر اساس داده‌های CBDP و SCoT



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

به‌منظور درک مناسب‌تر گروه‌بندی نمونه‌های مناطق جغرافیایی مختلف، در دندروگرام دیگری (شکل۳) نمونه‌های مربوط به هر منطقه جغرافیایی با رنگ متمایز از سایر مناطق مشخص شده‌اند.نتایج حاصل تجزیه واریانس مولکولی که به‌منظور تعیین سهم واریانس‌های درون گروهی و بین گروهی و تفکیک واریانس مولکولی بین اکسشن‌ها به دو بخش درون و بین جمعیتی انجام شد نشان داد که ۳۴ درصد از واریانس کل مربوط به‌جزء بین گروهی و ۶۶ درصد مربوط به‌جزء درون گروهی می‌باشد (شکل۴).




شکل ۴- نمودار دایره‌ای توزیع واریانس ژنتیکی بر اساس نتایج تجزیه واریانس ملکولی

در بین پنج جمعیت مورد بررسی بیشترین و کمترین میزان مجموع مربعات (SS) درون گروهی نیز برابر ۱۷۰/۲ و ۹۲/۲ به‌دست آمد که به‌ترتیب مربوط به جمعیت ۳ (خوزستان و کهکیلویه و بویراحمد) و ۵ (سیستان و بلوچستان و کرمان) بود. مقدار بالاتر واریانس درون گروهی نسبت به بین گروهی حاکی از احتمال وجود آلل‌های جدید و منحصربه‌فرد در ژرم پلاسم است که جهت استفاده در برنامه‌های اصلاح جمعیت‌ها و تولید ارقام جدید می‌تواند مفید باشد. غلبه میزان تنوع درون گروهی به بین گروهی در تجزیه واریانس ملکولی داده‌های حاصل از بررسی تنوع در انواع ژرم پلاسم گیاهی به‌وسیله نشانگرهای RAPD، SCoT، SSR و ISSR در تحقیقات مختلفی گزارش‌های شده است (Thomas and Bebeli, 2010; Gholamian et al. 2019; Etminan et al. 2019).

به‌منظور آنالیز تکمیلی خصوصیات ژنتیکی جمعیت‌های مورد بررسی، شاخص‌های ژنتیک جمعیت شامل تعداد آلل شناسایی‌شده (Na) تعداد آلل مؤثر (Ne)، مقدار هتروزیگوسی (He)، شاخص شانون (I) و درصد لوکوس‌های چند شکل (%P) برای هر جمعیت محاسبه شد که نتایج آن در جدول ۳ نشان داده شده است. بر اساس محاسبات انجام شده بیشترین و کمترین تعداد آلل‌های موثر بترتیب در جمعیت‌های IV و I مشاهده شد.

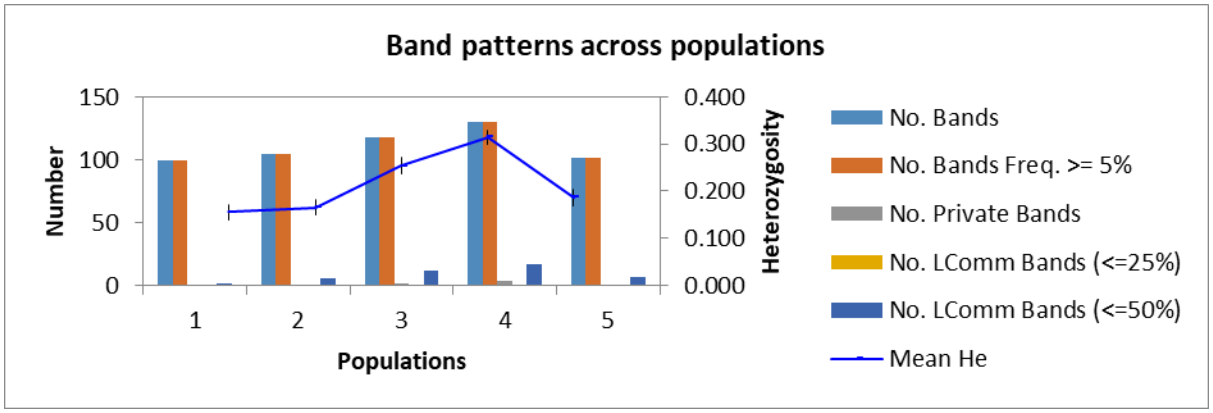
جدول ۳- پارامترهای تنوع برآورد شده به تفکیک جمعیت‌های مورد مطالعه در بررسی تنوع ژنتیکی *T. foenum-graecum* با استفاده از نشانگرهای SCoT و CBDP

| کد جمعیت | اندازه جمعیت | | Na | Ne | I | He | %P |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| I | ۱۰ | میانگین | ۱/۱۶ | ۱/۲۶ | ۰/۲۳ | ۰/۱۵ | ۴۶/۸ |
| | | خطای استاندارد | ۰/۰۷ | ۰/۰۳ | ۰/۰۲ | ۰/۰۱۶ | |
| II | ۹ | میانگین | ۱/۲۰ | ۱/۲۸ | ۰/۲۴ | ۰/۱۶ | ۴۶/۸ |
| | | خطای استاندارد | ۰/۰۷ | ۰/۰۳ | ۰/۰۲ | ۰/۰۱۷ | |
| III | ۷ | میانگین | ۱/۴۹ | ۱/۴۴ | ۰/۳۷ | ۰/۲۵ | ۶۷/۱ |
| | | خطای استاندارد | ۰/۰۶ | ۰/۰۳ | ۰/۰۲ | ۰/۰۱۷ | |
| IV | ۷ | میانگین | ۱/۷۵ | ۱/۵۴ | ۰/۴۶ | ۰/۳۱ | ۸۴/۶ |
| | | خطای استاندارد | ۰/۰۵ | ۰/۰۳ | ۰/۰۲ | ۰/۰۱۵ | |
| V | ۷ | میانگین | ۱/۲۸ | ۱/۳۲ | ۰/۲۸ | ۰/۱۸ | ۵۷/۳ |
| | | خطای استاندارد | ۰/۰۷ | ۰/۰۳ | ۰/۰۲ | ۰/۰۱۷ | |

Na، Ne، I، He، %P به‌ترتیب تعداد آلل شناسایی شده، تعداد آلل مؤثر، شاخص شانون، هتروزیگوسی و درصد لوکوس‌های چندشکل می‌باشند.



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]




شکل ۵- الگوی توزیع باندها در جمعیت‌های مورد مطالعه در بررسی تنوع ژنتیکی *T. foenum-graecum* با استفاده از نشانگرهای SCoT و CBDP

جدول ۴- توزیع فراوانی باندها و فراوانی باندهای اختصاصی در جمعیت‌های مورد مطالعه در بررسی تنوع ژنتیکی *T. foenum-graecum* با استفاده از نشانگرهای SCoT و CBDP

| جمعیت | I | II | III | IV | V |
|---|---|---|---|---|---|
| تعداد باند | ۹۹ | ۱۰۵ | ۱۱۸ | ۱۳۰ | ۱۰۱ |
| تعداد باند با فراوانی بیشتر از ۵درصد | ۹۹ | ۱۰۵ | ۱۱۸ | ۱۳۰ | ۱۰۱ |
| تعداد باندهای اختصاصی | ۰ | ۰ | ۲ | ۴ | ۱ |
| تعداد باند با فراوانی کمتر از از ۲۵درصد | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ | ۰ |
| تعداد باند با فراوانی کمتر از ۵۰درصد | ۲ | ۶ | ۱۲ | ۱۷ | ۷ |

با توجه به نتایج به‌دست آمده، در بررسی میزان تنوع درون جمعیت‌ها بر اساس شاخص شانون (I) نیز در بین ۵ گروه جمعیتی، جمعیت IV با مقدار ۰/۴۶ تنوع بیشتری را نشان داد. همچنین مقدار هتروزیگوسی نیز بیانگر وجود تنوع بیشتر درون جمعیت IV بود که مقدار آن برابر با ۰/۳۱ به‌دست آمد. در مطالعه دیگری بر روی اکسشن‌های مختلف *T. foenum-graecum* با استفاده از نشانگرهای RAPD و ISSR نیز سطح بالایی از تنوع ژنتیکی درون گروه‌های جمعیتی این گونه گزارش شده است (Dangi et al. 2004).

شکل ۵ الگوی توزیع باندها در جمعیت‌های مورد مطالعه را نشان می‌دهد و اطلاعات مربوط به آن در جدول ۴ ارائه شده‌است. همان‌طور که از اطلاعات شکل ۵ و جدول ۴ مشخص است گروه‌های جمعیتی III ، IV و V واجد آلل‌های اختصاصی هستند لیکن جمعیت IV (نمونه‌های مربوط به نواحی شمال شرقی کشور) از تعداد آلل‌های اختصاصی بیشتری (۴ آلل) برخوردار می‌باشد که این موضوع می‌تواند یکی از دلایل تنوع درون جمعیتی بالاتر در این گونه باشد. فراوانی باندهای اختصاصی در یک جمعیت نشان‌دهنده زمینه ژنتیکی خاص و منحصربه‌فرد آن جمعیت تلقی می‌شود. همچنین داده‌های جدول مورد اشاره نشان می‌دهد که تمامی باندهای تکثیر شده از فراوانی بیشتر از ۵ درصدی برخوردار می‌باشند و هیچ آلل نادری در جمعیت‌ها مشاهده نمی‌شود.

## نتیجه‌گیری کلی

نتایج این بررسی سطح قابل توجهی از تنوع ژنتیکی در گونه *T. foenum-graecum* به‌خصوص در اکسشن‌های مناطق شمال شرقی (نمونه‌های استان‌های سمنان و خراسان) را نشان داد که این موضوع می‌تواند به شرایط اقلیمی و توپوگرافیکی منطقه ارتباط داشته باشد. این نتایج همچنین نشان‌دهنده قابلیت و کارایی بالای نشانگرهای SCoT و CBDP جهت استفاده از آن‌ها در



[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

مطالعات تنوع ژنتیکی بود به‌طوری که تعداد ۱۷ آغازگر پوشش ژنومی نسبتاً مناسبی برای حصول نتایج قابل قبول ایجاد نمودند. بر اساس شاخص‌های کارایی نشانگرها به‌طور کلی نشانگرهای SCoT با توجه به درصد چندشکلی بیشتر و متوسط PIC و MI بالاتر در مقایسه با نشانگرهای CBDP کارایی بهتری را نشان دادند. ضمن اینکه با توجه به اینکه این نشانگرها جزو گروه نشانگرهای هدفمند ژنی بوده و تنوع را بر اساس نواحی فعال ژنوم آشکار می‌کند و می‌توان از آن‌ها به‌منظور اشباع نقشه‌های ژنتیکی و تجزیه ارتباط نیز استفاده نمود.

## منابع


Ahari DS, Hassandokht MR, Kashi AK, Amri A (2014) Evaluation of genetic diversity in Iranian fenugreek (*Trigonella foenum-graecum*) landraces using AFLP markers. Seed and Plant Improvement Journal 30:155-171. (In Farsi).

Al-Maamari IT, Mumtaz Khan M, Al-Sadi AM, Iqbal Q, Al-Saady N (2020) Morphological characterization and genetic diversity of Fenugreek (*Trigonella foenum-graecum* L.) accessions in Oman Bulgarian Journal of Agricultural Science 26:375-383.

Asadi A, Shooshtari L (2021) Assessment of somaclonal variation in micropropagation of Damask Rose (*Rosa damascena Mill.*) using molecular markers. Modern Genetics Journal 63:327-335. (In Farsi).

Bradeen JM, Bach IC, Briard M, Le CV, Grzebelus D, Senalik DA, Simon PW (2002) Molecular diversity analysis of cultivated carrot (*Daucus carota* L.) and wild Daucus populations reveals a genetically nonstructured composition. Journal of the American Society for Horticultural Science 127:383-391.

Collard BCY, 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 27:86-93.

Daneshmand H, Etminan AR, Qaderi A (2017) Diversity evaluation of *Trigonella foenum- graecum* populations using DNA markers and phytochemical characteristics. Journal of Medicinal Plants 63:16.

Dangi R, Lagu MD, Choudhary LB, Ranjekar P, Gupta VS (2004) Assessment of genetic diversity in *Trigonella foenu-graecum* and *Trigonella caerulea* using ISSR and RAPD markers. BMC Plant Biology 4:13.

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

Etminan A, Mehrabi AA, Shooshtari L, Moradkhani H (2018b) Applicability of CBDP markers to study of genetic diversity among some of the cultivated wheat accessions and their ancestral species. Modern Genetics Journal 52:79-89. (In Farsi).

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.

Heidari P, Etminan A, Azizinezhad R, Khosroshahli M (2017) Indian Journal of Genetics and Plant breeding 77:379-386.

Heikrujam M, Kumar J, Agrawal V (2015) Genetic diversity analysis among male and female Jojoba genotypes employing gene targeted molecular markers, start codon targeted (SCoT) polymorphism and CAAT boxderived polymorphism (CBDP) markers. Meta Gene 5:90–97.

Gholamian F, Etminan A, Changizi M, Khaghani S, Gomarian M (2019) Assessment of genetic diversity in *Triticum urartu Thumanjan* ex Gandilyan accessions using start codon targeted polymorphism (SCoT) and CAATbox derived polymorphism (CBDP) markers. Biotechnology and Biotechnological equipment 33:1653-1662.

Kumar V N, Srivastava A, Singh M K, Vyas S, Gupta K, Katudia K, Vaidya S, Chaudhary A and Ghosh S K (2012) Genetic diversity and identification of variety–specific AFLP markers in fenugreek (*Trigonella foenum–graecum*). African Journal of Biotechnology 11:4323-9

Maloo SR, Sharma R, Jain D, Choudhary S, Soan H (2020) Assessment of genetic diversity in fenugreek (*Trigonella foenum-graecum*) genotypes using morphological and molecular markers. Indian Journal of Agricultural Sciences 90:25-30

Martin E, Akan H, Ekici M and Aytac Z (2011) Karyotype analyses of ten sections of *Trigonella* (*Fabaceae*). Comp. Cytogenet 5:105-121.

Martins SR, Vences FJ, Saenz de Miera LE, Barrosa MR, Carnide V (2006) RAPD analysis of genetic diversity among and within Portuguese landraces of common white bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Journal of the American Society for Horticultural Science 108:133-142.

Mehrafarin A, Qaderi A, Rezazadeh Sh, Naghdi Badi H, Noormohammadi Gh, and Zand E (2010) Bioengineering of Important Secondary Metabolites and Metabolic Pathways in Fenugreek (*Trigonella foenumgraecum* L.). Journal of Medicinal Plants 9:1-18.

Mehrafarin A, Rezazadeh Sh, Naghdi Badi H, Noormohammadi, Zand E and Qaderi A (2011) A Review




[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]

on Biology, Cultivation and Biotechnology of Fenugreek (*Trigonella foenum-graecum* L.) as a Valuable Medicinal Plant and Multipurpose. Journal of Medicinal Plants 10:6-24.

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

Peakall R, Smouse PE (2006) GENALEX 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes 6:288-295.

Perrier X, Flori A, Bonnot F (2003) Data analysis methods. In: Hamon P, Seguin M, Perrier X, Glaszmann JC (Eds.), Genetic Diversity of Cultivated Tropical Plants, London, Plymouth, UK 43-76.

Pezhmanmehr M, Hassani ME, Jahansooz F, Najafi AA, Sefidkon F, Mardi M, Pirseiedi M (2009) Assessment of genetic diversity in some Iranian populations of Bunium persicum using RAPD and AFLP markers. Iranian Journal of Biotechnology 7:93-100.

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 Biosystem 152:694-703.

Pour-Aboughadareh A, Etminan A, Shooshtari L, Maleki Tabrizi N (2020) Comparative Assessment of SCoT and CBDP Markers for Investigation of Genetic Diversity Existing in Different Aegilops Species. Agricultural Biotechnology 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.

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

Shaygan N, Etminan A, Majidi Hervan I, Azizinezhad R, Mohammadi R (2021) Evaluation of molecular diversity in breeding lines of durum wheat using SCoT markers. Modern Genetics Journal 16:151-160. (In Farsi).

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.

Solouki M, Mehdikhani H, Zeinali H, Emamjomeh AA (2008) Study of genetic diversity in Chamomile (*Matricaria chamomilla*) based on morphological traits and molecular markers. Journal of the American Society for Horticultural Science 117:281-287.

Talebi R, Nosrati , S Etminan A, Naji AM (2018) Genetic diversity and population structure analysis of landrace and improved safflower (*Cartamus tinctorious* L.) germplasm using arbitrary functional gene-based molecular markers. Biotechnology and Biotechnological equipment 32:1183-1194.

Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S (2011) MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. Molecular Biology Evolution 28:2731-2739.

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

Zahoor, A (2007) Country report on plant genetic resources for food and agriculture. Pakistan Agricultural Research Council 79.

[ Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20 ]