

## تنوع ژنتیکی در توده‌های بومی شبدر ایرانی با استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی

کامران سمیعی، احمد ارزانی\* و سید علی محمد میرمحمدی میبدی<sup>۱</sup>

(تاریخ دریافت: ۸۵/۴/۱۷؛ تاریخ پذیرش: ۸۷/۲/۲۹)

### چکیده

نژادهای بومی یک گیاه زراعی به عنوان منابع با ارزش ژنتیکی محسوب می‌شوند. در این تحقیق ۲۰ توده بومی شبدر ایرانی (*Trifolium resupinatum* L.) که از نقاط مختلف کشور جمع‌آوری شده بود، مورد استفاده قرار گرفت. نمونه DNA متعلق به ۲۰ ژنوتیپ شبدر با استفاده از نشانگرهای نیمه‌تصادفی که مکان هدف آنها براساس نواحی برش اتصال ایترون-اگزون (ISJ) است، تکثیر شدند. سی آغازگر نیمه‌تصادفی از دو گروه آغازگرهای با هدف ایترون (IT) و هدف اگزون (ET) در این مطالعه به کار رفت که ۱۰ آغازگر تکرار پذیر بوده و ایجاد چندشکلی در توده‌های شبدر موردنمودن. تجزیه خوشای با استفاده از نرم افزار NTSYS و روش UPGMA و تشکیل ماتریس تشابه جاکارد صورت گرفت. آغازگرها مجموعاً تولید ۱۱۱ باند نمودند که از این تعداد، ۹۳ باند (۸۴٪) در بین ژنوتیپ‌های شبدر چند شکل بودند. بیشترین و کمترین قطعات تکثیر شده به ترتیب مربوط به آغازگرهای ET<sub>18-4</sub> و IT<sub>15-31</sub> بود و متوسط تعداد باند برای هر آغازگر ۱۱/۱ عدد برآورد شد. براساس تجزیه کلاستر توده‌های شبدر به ۵ گروه تقسیم شدند که از آن میان ۲ توده کازرون و کرمانشاهی ۱ هر کدام به تنها یک گروه را تشکیل دادند. براساس ماتریس تشابه، کمترین شباهت (۰/۴۲) مربوط به توده‌های الیجان و کازرون بود و توده‌های چگنی و هفت‌چین همدانی بیشترین شباهت ژنتیکی را به خود اختصاص دادند. گروه‌بندی حاصله تا حدودی با گروه‌بندی توده‌های شبدر ایرانی براساس مبداء جغرافیایی هم‌آهنگی داشت. با توجه به نتایج بدست آمده، می‌توان بیان داشت که استفاده از فن‌آوری PCR با آغازگرهای نیمه‌تصادفی در بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های شبدر ایرانی مناسب بوده و آنها را به خوبی از هم متمایز نموده است.

واژه‌های کلیدی: شبدر ایرانی، *Trifolium resupinatum* L., آغازگر نیمه‌تصادفی، تنوع ژنتیکی

### مقدمه

قدمت و سازگاری‌شان به شرایط محیطی، حاوی مطلوب‌ترین ژن‌ها بوده و تنوع ژنتیکی مورد نیاز اصلاح‌گران را تأمین می‌نمایند (۶، ۱۰، ۱۲ و ۱۳). شبدر لگوم، علوفه‌ای با ارزشی بوده که به لحاظ ارزش کمی و کیفی علوفه و هم‌چنین از نظر حفاظت و حاصل خیزی خاک، از اهمیت فراوانی برخوردار است. جنس شبدر *Trifolium* شامل ۳۰۰ گونه مختلف است که

گاهی از میزان تنوع و فاصله ژنتیکی بین افراد، در انتخاب والدین مناسب جهت تولید هیریدهای برتر از اهمیت فوق العادی در اصلاح‌نبات برخوردار است، ضمن این که تنوع ژنتیکی از ارکان اصلی کشاورزی پایدار محسوب می‌گردد (۱، ۱۱ و ۱۸). در این میان توده‌های بومی گیاهان زراعی به دلیل

۱. به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد، استاد و دانشیار زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

\*: مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: a\_arzani@cc.iut.ac.ir

بررسی قرار دادند(۲۰). اکثر نمونه‌هایی که از ایران جمع‌آوری شده بود تفاوت معنی‌داری نشان ندادند و گروه مشترکی را تشکیل دادند. رافالسکی و همکاران نیز تنوع ژنتیکی ارقام جو زراعی را که شامل هیبریدهای ساده و والدین برگردانده باروری بود را با استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی مورد بررسی قرار دادند(۱۶). فاصله ژنتیکی اندکی بین ارقام با گردهافشانی باز مشاهده شد که ناشی از معنی‌ثُنی مشترک این ژنوتیپ‌ها می‌باشد. گاول و همکاران جهت برآورد فاصله ژنتیکی بین ارقام گندم و تریتیکاله، از آغازگرهای تصادفی و نیمه‌تصادفی استفاده نمودند(۵). نتایج بسیار معنی‌داری با استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی به دست آمد و مشخص گردید که استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی از تکرارپذیری و چندشکلی بسیار برتری نسبت به روش RAPD برخوردار بوده است. رافالسکی و همکاران در مطالعه‌ای دیگر با بررسی تنوع ژنتیکی اینبردلاین‌های ذرت با استفاده از آغازگرهای تصادفی و نیمه‌تصادفی، ضمن برآورد مناسب فاصله ژنتیکی برای تعیین بهترین هیبرید، بر کارائی بالای آغازگرهای نیمه‌تصادفی تأکید نمودند(۱۷). هر آغازگر شامل دو انتهای<sup>۳</sup> و<sup>۵</sup> می‌باشد که در هنگام تکثیر DNA قطعات جدید در امتداد<sup>۵</sup> به<sup>۳</sup> شروع به رشد می‌کنند. انتهای<sup>۳</sup> آغازگر مهم‌ترین قسمت جهت اتصال موثر آغازگر در واکنش PCR است (۴). در آغازگرهای گروه ET انتهای<sup>۳</sup> اختصاصی است و در گروه آغازگرهای IT انتهای<sup>۵</sup> اختصاصی بوده و با نواحی محافظت شده مکان برش ایترنون-اکسون متصل می‌گردد(۵ و ۱۷). بنابراین آغازگرهای گروه IT در تکثیر قطعات از دقت و کارایی بیشتری برخوردار بوده‌اند.

در رابطه با میزان هم‌آهنگی تنوع ژنتیکی با تنوع جغرافیایی، وینینگ و هنری در ارقام جو را بر اساس آغازگرهای نیمه‌تصادفی به وجود تطابق ارقام با منشاء جغرافیایی در گروه‌بندی پی‌برندند(۲۰). طوری که ارقام جمع‌آوری شده از ایران و فلسطین در گروه‌های مشترک جداگانه‌ای قرار گرفتند. گوستین و همکاران با استفاده از نشانگر RAPD

در این میان شبدر ایرانی *T. resupinatum* از جمله گونه‌های خودگشن و دیپلوئید ( $2n=2X=14$ ) این جنس بشمار می‌آید که بسیاری از منابع خاستگاه و مرکز تنوع آن را مناطقی از ایران ذکر نموده و به طور گسترده‌ای به عنوان گیاه علوفه‌ای پرمحصول مورد کشت و کار قرار می‌گیرد(۲، ۱۳ و ۱۹). ارزیابی تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگرهای مولکولی مبتنی بر DNA در استفاده بهینه از تنوعات ژنتیکی موجود، از دستاوردهای مهم بیوتکنولوژی گیاهی برای اصلاح نباتات محسوب می‌گردد (۱، ۱۱ و ۱۸). نشانگر RAPD در گیاهان زراعی کاربرهای فراوانی دارد، با این وجود، بهبود سایر سیستم‌های مبتنی بر PCR با استفاده از تک آغازگرها، قدم بسیار مهمی در جهت جایگزینی این تکنیک می‌باشد(۵). نوعی از این سیستم‌های نشانگری استفاده از آغازگرهایی است که مکان هدف آنها براساس نواحی برش اتصال ایترنون-اکسون (ISJ) (Intron-exon splice junction) است. این روش در سال ۱۹۹۱ توسعه وینینگ و لانگریچ پیشنهاد شد و بعداً توسعه رافالسکی و همکاران ارتقا یافت که می‌تواند جایگزین مناسبی برای روش RAPD و سایر روش‌های هزینه‌بر مانند RFLP و AFLP باشد(۱۶). این دسته از آغازگرها با توالی‌های ۱۰ تا ۱۸ نوکلئوتیدی، به دو دسته آغازگرهای مکان هدف اکسون (Exon targeting) (ET) و ایترنون (IT) (Intron targeting) تقسیم‌بندی می‌شوند. آغازگرهای IT نواحی از ایترنون و آغازگرهای ET نواحی از اکسون را شناسائی و مورد تکثیر قرار می‌دهند(۹ و ۱۴). نوزیلسکی و همکاران در مطالعه‌ای با استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی، تنوع ژنتیکی ارقام تجاری و محلی لوییای معمولی را مورد بررسی قرار دادند. از بین ۵۰ آغازگر مورد استفاده، ۶ آغازگر براساس تعداد قطعات چندشکل انتخاب شدند. نتایج نشان داد با توجه به تکرارپذیری و دقت بالای این دسته از آغازگرها، می‌توان از فاصله ژنتیکی به دست آمده بین ارقام لوییا، در انتخاب والدین برای تولید بذر هیبرید لوییا استفاده نمود. وینینگ و هنری در مطالعه‌ای تنوع ژنتیکی ۵۰ ژنوتیپ از گونه جو وحشی (*Hordeum spontaneum*) را که از نقاط مختلف دنیا جمع‌آوری شده بود را با استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی مورد

جدول ۱. مشخصات ۲۰ ژنوتیپ مورد بررسی و محل جمع‌آوری آنها

شماره	نام ژنوتیپ	محل جمع‌آوری	شماره	نام ژنوتیپ	محل جمع‌آوری
۱	کرمانشاهی ۱	کرمانشاه	۱۱	هراتی	لرستان
۲	کرمانشاهی ۲	کرمانشاه	۱۲	دهبیز	لرستان
۳	هفتون	اصفهان	۱۳	سیلاخور	لرستان
۴	۵۱۳	اصفهان	۱۴	الشتر	لرستان
۵	نهاوندی	لرستان	۱۵	کازرون	فارس
۶	سه‌چین	اصفهان	۱۶	هفت‌چین بروجرد	لرستان
۷	هفت‌چین	اصفهان	۱۷	الویجان	مرکزی
۸	هفت‌چین همدانی	لرستان	۱۸	بازنہ	مرکزی
۹	چگنی	لرستان	۱۹	ریحان	مرکزی
۱۰	دورود	لرستان	۲۰	تجره	مرکزی

توده‌های بومی آن می‌باشد، مطالعه حاضر تنوع ژنتیکی توده‌های بومی شبدر ایرانی را با استفاده از فن‌آوری PCR و آغازگرهای نیمه‌تصادفی ارزیابی کرده است.

## مواد و روش‌ها

### DNA استخراج و مواد گیاهی

در این تحقیق از ۲۰ توده بومی شبدر ایرانی که از نقاط مختلف کشور جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید (جدول ۱). استخراج DNA گیاهی به روش ریزنمونه‌ای دلپورتا و همکاران(۳) با اندازی تغییر به صورت بالک (۸ و ۱۵) با استفاده از مقدار مساوی برگ از ۳۰ بوته از هر توده شبدر انجام گرفت. کمیت و کیفیت DNA از طریق روش اسپکتروفوتومتری با استفاده از اسپکتروفوتومتر بکمن (Beckman DU530 UV-VIS spectrophotometer) مدل DU530 تعیین گردید. ضمن این که کمیت DNA در مقایسه با غلظت‌های استاندارد DNA لامبда روی ژل آگارز رنگ شده با اتیدیومبروماید تعیین شد. از کلیه نمونه‌های DNA، محلول پایه ۱۰ نانوگرمی در هر میکرولیتر تهیه و در واکنش PCR استفاده شد.

توانستند جوامع شبدر سفید را براساس مبدا جغرافیایی گروه‌بندی کنند(۸) در حالی که پراسرت و همکاران گزارش دادند که استفاده از آغازگرهای تصادفی در گروه‌بندی جغرافیایی ارقام شبدر قرمز ناموفق بوده است(۱۵). جونز و همکاران و همچنین گومز و همکاران با بررسی تنوع ژنتیکی ارقام محلی لوییای معمولی با استفاده از نشانگرهای مولکولی، توانستند ارقام نواحی جغرافیایی مختلف را تفکیک نمایند. با این وجود بعضی از ژنوتیپ‌های مناطق مشترک در گروه‌های جداگانه‌ای قرار گرفتند(۶ و ۱۰).

جزرنکویچ و همکاران برای تائید هیبریدهای سوماتیکی و برآورد فاصله ژنتیکی بین آنها و والدینشان از آغازگرهای نیمه‌تصادفی استفاده نمودند و توانستند با استفاده از قطعات تکثیر شده، افراد هیبرید را شناسایی و بهترین هیبرید را با توجه به حداقل فاصله ژنتیکی تعیین نمایند(۹). استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی به عنوان فن‌آوری جدید در برآورد تنوع ژنتیکی، انتخاب والدین و هیبریدهای مناسب گیاهان زراعی مختلف مطرح می‌باشد(۵، ۹، ۱۴، ۱۶ و ۱۷)، و با توجه به این که اولین قدم در جهت استفاده از ژرم‌پلاسم شبدر ایرانی و اصلاح آن، ارزیابی تنوع ژنتیکی در ذخایر ژرم‌پلاسم موجود از جمله

محاسبه ماتریس تشابه جفت توده‌های شبدر براساس ضریب تشابه جاکارد استفاده شد. نهایتاً از این ماتریس تشابه برای UPGMA تجزیه کلستر با نرم‌افزار NTSYS.pc براساس روش (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average) استفاده شد.

## نتایج و بحث

از مجموع ۳۰ آغازگر نیمه‌تصادفی ۱۰ تا ۱۸ نوکلئوتیدی که در واکنش زنجیره‌ای پلیمراز استفاده گردید، ۱۰ آغازگر مجموعاً ۹۳ باند چندشکل تولید نمودند که ۸۴٪ درصد از کل ۱۱۱ عدد باند تولید شده را شامل گردید. بیشترین و کمترین تعداد باند به ترتیب متعلق به آغازگرهای IT<sub>15-31</sub> و ET<sub>18-4.6</sub> با ۱۷ و ۶ باند بود (جدول ۲). متوسط تعداد باند به ازای هر آغازگر ۱۱/۱ عدد و برای هر ژنوتیپ ۵/۶ عدد بود. در همین زمینه نوزیلوسکی و همکاران در مطالعه خود روی تنوع ژنتیکی ارقام لوبيا با استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی، متوسط تعداد باند به ازای هر ژنوتیپ را ۱۱/۵ باند گزارش نمودند(۱۴). در حالی که رفالسکی و همکاران متوسط تعداد باند تولید شده به ازای هر یک از ژنوتیپ‌های چاودار را ۸/۹ برآورد نمودند(۱۶). در مطالعه‌ای دیگر (۵) میانگین تعداد قطعات تکثیر شده به ازای هر یک از آغازگرهای نیمه‌تصادفی ۱۴ عدد گزارش شده است. در حالی که گوستین و هوف میانگین تعداد باند به ازای هر یک از جوامع شبدر سفید مورد مطالعه را با استفاده از آغازگرهای ژنتیکی ارقام شبدر قرمز، میانگین تعداد باند به ازای هر آغازگر تصادفی را ۳/۹ باند گزارش نمودند(۷ و ۱۵). نتایج مطالعه حاضر ضمن مشابهت با سایر مطالعات که از آغازگر نیمه‌تصادفی استفاده کرده بودند (۱۴ و ۱۶)، از میانگین تعداد باند بالاتری نسبت به مطالعات در شبدر مه با استفاده از روش RAPD اجرا شده بود، برخوردار بوده که بیانگر کارایی بالای آغازگرهای نیمه‌تصادفی در ایجاد چندشکلی می‌باشد.

## آغازگرهای، شرایط PCR و الکتروفورز ژل‌آگارز

در بررسی حاضر تعداد ۳۰ آغازگر نیمه‌تصادفی تهیه شده از شرکت پرایم ایتالیا (Prim, Milan- Italy) مورد استفاده قرار گرفت. از این آغازگرهای محلول‌هایی با غلظت ۲۰ میکرو مولار تهیه و از این محلول برای اجرای واکنش PCR استفاده گردید. بیست و پنج میکرولیتر مخلوط واکنش شامل ۲۰ نانوگرم DNA ژنومی (۲ میکرولیتر از محلول پایه)، ۲/۵ میکرولیتر بافر ۱۰×، کلریدمنزیم با غلظت نهایی ۲ میلی مولار، dNTPs با غلظت ۲۰۰ میکرو مولار برای هر کدام آغازگر ۱۰ نوکلئوتیدی با غلظت ۱ میکرو مولار، ۰/۵ واحد آنزیم *Taq* پلی‌مراز و آب دوبار تقطیر بود (۹).

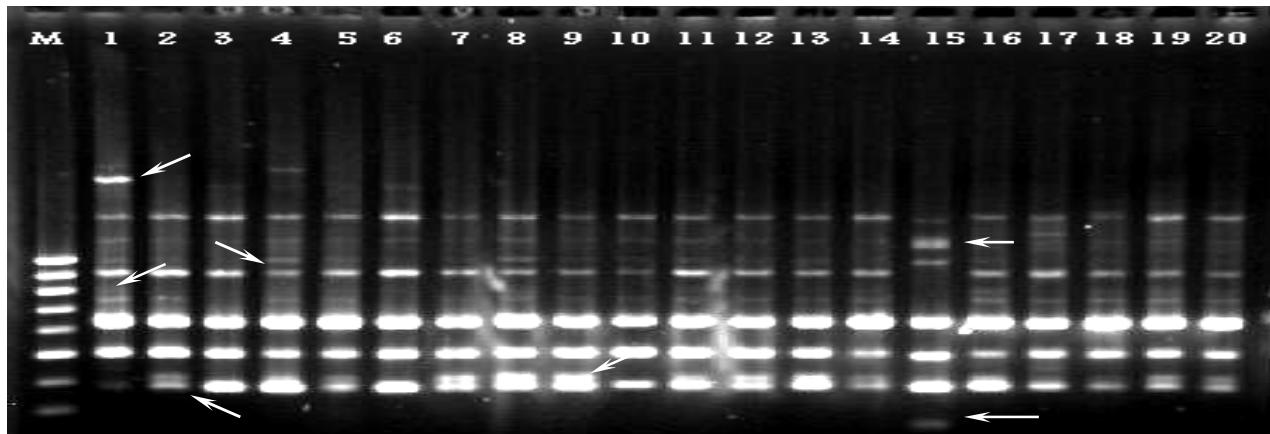
چون آغازگرهای نیمه‌تصادفی استفاده شده دارای توالی‌هایی با تعداد نوکلئوتید متفاوت بودند و همچنین با توجه به اختصاصی بودن قسمتی از آغازگر (۹، ۱۷ و ۲۰)، تکثیر DNA در دو مرحله طبق روش پیشنهادی جزرونکوبیچ و همکاران با استفاده از دستگاه ترموسایکلر Techgen اجرا گردید. زمان و دمای مورد نیاز برای مراحل مختلف هر یک از دوره‌های حرارتی در واکنش PCR با آغازگرهای نیمه‌تصادفی بشرح زیر اعمال گردید، که در آن Tm برابر با دمای ذوب آغازگر در نظر گرفته شد (۹):

$$[94^{\circ}\text{C} (40'')/\text{Tm} + 2^{\circ} (60'')/72^{\circ}\text{C} (120'')]_7/[94^{\circ}\text{C} (40'')/\text{Tm} + 6^{\circ}\text{C} (60'')/72^{\circ}\text{C} (120'')]_{33}/72^{\circ}\text{C} (10')$$

برای انجام الکتروفورز از الکتروفورز افقی ژل آگارز با غلظت ۱/۵ درصد استفاده شد. از نشانگر دارای باندهای استاندارد ۱۰۰bp (100bp DNA Ladder, GenCraft, Germany) به عنوان نشانگر اندازه استفاده شد و رنگ‌آمیزی توسط اتیدیوم بروماید به مدت ۱۵ دقیقه و مشاهده و عکس‌برداری زیر نور UV به کمک دستگاه ژل‌خوان دارای عکس و چاپ (Vilber Lourmat. Model IP-008-SD, France) صورت گرفت. قطعات تکثیر شده توسط آغازگرهای براساس وجود (۱) و عدم وجود باند (۰) نمره‌گذاری شدند. از نتایج حاصل برای

جدول ۲. مقایسه آغازگرهای نیمه تصادفی دارای چندشکلی در توده‌های شبدر ایرانی از لحاظ قطعات تکثیر شده

آغازگر	توالی نوکلئوتیدی (5'-3')	تعداد قطعات تکثیر شده	درصد چندشکل	٪۹۴
IT <sub>10-1</sub>	ACGTCCAGAC	۱۷	۱۶	٪۹۱
IT <sub>10-2</sub>	ACGTCCAGGT	۱۱	۱۰	٪۷۰
IT <sub>10-3</sub>	ACGTCCAGCA	۱۰	۷	٪۸۳
IT <sub>10-4</sub>	ACGTCCACCA	۱۲	۱۰	٪۸۸
IT <sub>10-6</sub>	ACGTCCATCC	۸	۷	٪۹۴
IT <sub>15-31</sub>	GAAGCCGCAGGTAAG	۱۷	۱۶	٪۶۳
IT <sub>15-34</sub>	GCGGCATCAGGTAAG	۸	۵	٪۸۲
IT <sub>15-35</sub>	CGAAGCCCAGGTAAG	۱۱	۹	٪۹۱
ET <sub>15-31</sub>	ACTTACCTGGGCCAG	۱۱	۱۰	٪۵۰
ET <sub>18-4</sub>	ACTTACCTGCCCTGCCGAG	۶	۳	

شکل ۱. الگوی باندی تولید شده توسط آغازگر IT<sub>10-3</sub> و نمایش قطعات چندشکل در ۲۰ ژنوتیپ شبدر

شده توسط آغازگرهای ET بر روی ژل آگارز در طی الکتروفورز، قطعات حاصل از این نوع آغازگرها قابلیت امتیازدهی نداشت و به همین علت در مراحل اولیه بیشتر این آغازگرها از آزمایش حذف شدند. سه دلیل عمدۀ زیر را می‌توان علل احتمالی چندشکلی بیشتر و اندازه بزرگ‌تر قطعات تولید شده در آغازگرهای IT در ژنوتیپ‌های شبدر مورد بررسی دانست:

۱. نواحی از ژنوم که قابلیت کدنمودن ژن‌ها را ندارند (ایترون‌ها) بیش از ۹۵ درصد کل ژنوم یک گیاه را تشکیل می‌دهند (۴، ۱۱، ۱۲ و ۱۸) و با توجه به این که آغازگرهای IT این نوحی را مورد هدف و تکثیر قرار

آغازگرهای IT نسبت به آغازگرهای ET قطعات تکثیر شده بیشتری با وضوح بهتر تولید کردند. ضمن این که درصد چندشکلی ناشی از این آغازگرها نیز بیشتر بود. در این میان آغازگرهای ۱۰ نوکلئوتیدی که همگی از گروه IT بودند، مجموعاً ۵۸ باند تولید نمودند و آغازگرهای IT<sub>10-1</sub> و IT<sub>15-31</sub> با ۱۶ عدد باند چندشکلی و ۹۴٪ درصد چندشکلی، بیشترین درصد چندشکلی را در میان آغازگرها به خود اختصاص دادند (شکل ۱).

میانگین طول قطعات تولید شده توسط آغازگرهای ET کمتر از ۵۰۰ جفت باز و در آغازگرهای IT بیشتر از ۸۰۰ جفت باز بود. در اکثر موارد به علت طول کم و مشابه بودن حرکت قطعات تکثیر

جدول ۳. ماتریس ضرایب تشابه برای ژنوتیپ‌های شبدر با استفاده ازداده‌های آغازگرهای نیمه‌تصادفی بر اساس روش UPGMA

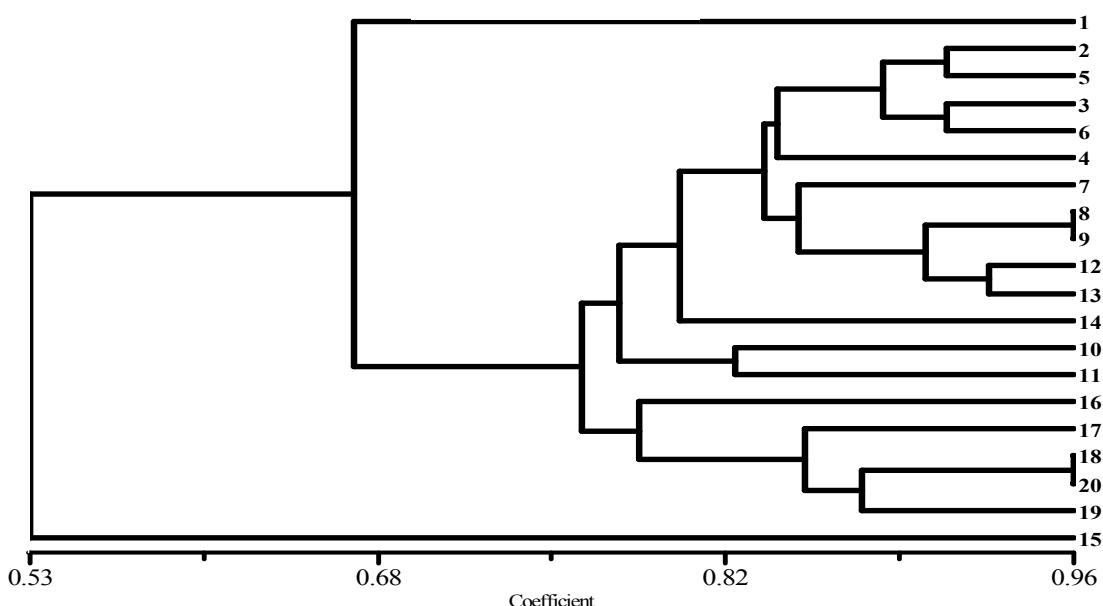
ژنوتیپ	۱	۲	۳	۴	۵	۶	۷	۸	۹	۱۰	۱۱	۱۲	۱۳	۱۴	۱۵	۱۶	۱۷	۱۸	۱۹	۲۰
۱	۱/۰۰																			
۲	۰/۷۰	۱/۰۰																		
۳	۰/۶۵	۰/۸۸	۱/۰۰																	
۴	۰/۷۰	۰/۸۲	۰/۸۴	۱/۰۰																
۵	۰/۶۵	۰/۹۱	۰/۸۶	۰/۸۱	۱/۰۰															
۶	۰/۷۰	۰/۸۹	۰/۹۱	۰/۸۹	۰/۹۱	۱/۰۰														
۷	۰/۷۲	۰/۸۴	۰/۷۹	۰/۸۱	۰/۸۲	۰/۸۴	۱/۰۰													
۸	۰/۶۸	۰/۸۴	۰/۷۹	۰/۸۴	۰/۹۰	۰/۸۴	۰/۸۲	۱/۰۰												
۹	۰/۶۵	۰/۸۱	۰/۷۵	۰/۸۱	۰/۸۶	۰/۸۱	۰/۸۲	۰/۹۶	۱/۰۰											
۱۰	۰/۶۵	۰/۷۷	۰/۷۵	۰/۷۷	۰/۷۹	۰/۷۷	۰/۷۹	۰/۸۲	۰/۷۹	۱/۰۰										
۱۱	۰/۵۸	۰/۷۴	۰/۶۸	۰/۷۱	۰/۷۹	۰/۷۰	۰/۷۹	۰/۸۶	۰/۸۶	۰/۸۲	۱/۰۰									
۱۲	۰/۶۷	۰/۸۲	۰/۸۱	۰/۸۶	۰/۸۸	۰/۸۹	۰/۸۸	۰/۸۷	۰/۸۷	۰/۷۷	۰/۷۷	۱/۰۰								
۱۳	۰/۷۰	۰/۸۶	۰/۸۱	۰/۸۶	۰/۹۱	۰/۸۶	۰/۸۸	۰/۹۵	۰/۹۱	۰/۸۴	۰/۸۱	۰/۹۳	۱/۰۰							
۱۴	۰/۶۵	۰/۸۱	۰/۸۲	۰/۷۰	۰/۸۲	۰/۷۷	۰/۸۲	۰/۷۹	۰/۷۹	۰/۷۵	۰/۷۵	۰/۸۲	۰/۸۴	۱/۰۰						
۱۵	۰/۴۴	۰/۵۶	۰/۵۱	۰/۵۶	۰/۵۸	۰/۵۶	۰/۵۴	۰/۵۸	۰/۵۸	۰/۵۱	۰/۵۸	۰/۶۳	۰/۶۰	۰/۵۱	۱/۰۰					
۱۶	۰/۷۵	۰/۸۱	۰/۷۹	۰/۷۷	۰/۸۲	۰/۸۱	۰/۷۵	۰/۷۹	۰/۷۶	۰/۶۸	۰/۷۷	۰/۸۱	۰/۷۵	۰/۵۸	۱/۰۰					
۱۷	۰/۶۷	۰/۷۹	۰/۷۷	۰/۲	۰/۸۱	۰/۷۹	۰/۷۴	۰/۸۱	۰/۷۷	۰/۶۷	۰/۷۲	۰/۷۹	۰/۷۰	۰/۴۲	۰/۷۷	۱/۰۰				
۱۸	۰/۶۵	۰/۸۴	۰/۷۹	۰/۷۷	۰/۸۹	۰/۸۴	۰/۷۹	۰/۸۲	۰/۷۹	۰/۷۲	۰/۷۲	۰/۷۷	۰/۸۴	۰/۷۲	۰/۴۷	۰/۸۲	۰/۸۸	۱/۰۰		
۱۹	۰/۶۱	۰/۷۷	۰/۷۵	۰/۶۷	۰/۷۹	۰/۷۴	۰/۷۵	۰/۷۵	۰/۷۲	۰/۷۲	۰/۷۹	۰/۶۷	۰/۷۴	۰/۷۵	۰/۸۴	۰/۸۰	۰/۹۰	۱/۰۰		
۲۰	۰/۶۱	۰/۸۱	۰/۷۵	۰/۷۴	۰/۸۶	۰/۸۱	۰/۷۵	۰/۷۹	۰/۷۵	۰/۶۸	۰/۷۴	۰/۸۱	۰/۴۷	۰/۷۹	۰/۸۴	۰/۹۶	۰/۸۶	۱/۰۰		

مشاهده شد. در مطالعه آنها آغازگرهای ۱۵ نوکلئوتیدی و عمدتاً آغازگرهای IT چندشکلی بیشتری داشتند(۱۶). در مطالعه‌ای دیگر (۹) مشخص شد که آغازگرهای ۱۸ نوکلئوتیدی الگوی باندی پیچیده‌تری تولید می‌کنند ولی تفاوت عمدتای بین آغازگرهای ET و IT دیده نشد. نتایج بررسی حاضر با گزارش گاول و همکاران، هم‌آهنگی دارد. آنها ضمن مقایسه آغازگرهای ET و IT، مشاهده نمودند که بیشتر آغازگرهای ET فاقد چندشکلی مناسب بوده و بهترین نتیجه با استفاده از آغازگرهای IT به دست آمد(۵).

براساس ضرایب تشابه ارائه شده، بیشترین شباهت بین توده‌های هفت چین همدانی و چگنی از لرستان از یک طرف و بازنده و تجره از مرکزی از طرف دیگر با ۹۶ درصد و کمترین شباهت بین دو توده کازرون و الیگان با ۴۲ درصد بود (جدول ۳). ضمن این که میانگین ضریب تشابه بین توده‌های مورد بررسی ۰/۷۶ بود. دندروگرام حاصل نشان داد که توده کازرون کمترین شباهت (۰/۵۳) را با سایر توده‌ها داشت و به تنها یک گروه

می‌دهند (۱۴، ۹ و ۱۷) و یک آغازگر با وجود نقاط اتصال بیشتر روی زنوم، احتمال بیشتری برای تکثیر قطعات DNA خواهد داشت و هر چه طول قطعه‌ای از زنوم که آغازگر به عنوان مکان هدف و تکثیر انتخاب می‌کند بزرگ‌تر باشد شناسن تکثیر قطعات بیشتر با طول بزرگ‌تر بیشتر خواهد بود (۲۱). این نتایج موید این موضوع است که اندازه و تعداد قطعات بین زنی (ایترون) در زنوم شبدر ایرانی زیاد می‌باشد که همین عامل سبب اندازه بزرگ‌تر و قطعات بیشتر تولید شده توسط این دسته از آغازگرها شده است.

۲. جهش‌ها مهم‌ترین عامل ایجاد کننده چندشکلی در مطالعات نوع ژنتیکی توسط نشانگرهای مولکولی هستند. با توجه به این که نواحی ایترون به بروز جهش‌های مختلف حساسیت بیشتری دارند و از لحاظ تکاملی کمتر حفاظت شده می‌باشند (۴، ۱۱ و ۱۲) به همین لحاظ چندشکلی بیشتر در نواحی ایترون که توسط آغازگرهای IT بروز یافته است، انتظار می‌رود. نتایج مشابهی توسط رفالسکی و همکاران روی چاودار



شکل ۲. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ۲۰ ژنوتیپ شبدر با استفاده از داده‌های آغازگرهای نیمه‌تصادفی

توده‌ها بود. این گروه‌بندی به جز گروه توده کرمانشاهی ۱ تطابق خوبی با منشا جغرافیایی توده‌های شبدر ایرانی دارد. عدم هم‌آهنگی توده کرمانشاهی ۱ با گروه‌بندی جغرافیایی ممکن است ناشی از ۱) اشتباہ در نمونه‌برداری، ۲) اشتباہ در نامگذاری، ۳) مهاجرت توده مذکور و یا ۴) ناکافی بودن نتایج حاصل با استفاده از آغازگرهای مورد استفاده بوده باشد.

توده‌های بومی گیاهان زراعی در طول زمان با جهش‌ها (ژنی و کروموزومی) و نوترکیبی توانسته‌اند که خود را با تغییرات شرایط محیطی تطبیق داده و نسبت به محیط رشد خود سازش پیدا کنند. عموماً هر چه دو محیط از نظر شرایط محیطی اختلافات بیشتری داشته باشند، گیاهان آن دو ناحیه اقلیمی خاص، دارای تفاوت‌های بیشتری از نظر خصوصیات ژنتیکی نسبت به همدیگر می‌باشند (۱۰، ۱۳ و ۶). بنابراین تفاوت‌های دیده شده بین دو ناحیه جغرافیایی ناشی از شرایط خاص اقلیمی بوده که این شرایط موجب تغییرات ژنتیکی بین دو ژنوم سازش یافته در نواحی مختلف می‌شوند. از نتایج به‌دست آمده در این مطالعه می‌توان چنین بیان داشت که استفاده از آغازگرهای نیمه‌تصادفی در مطالعه تنوع ژنتیکی

جداگانه‌ای را به خود اختصاص داد. پس از آن توده کرمانشاهی ۱ نیز با شباهت متوسط ۰/۶۷ بیشترین فاصله را با ۱۸ توده باقی‌مانده نشان داد و به تنها یک گروه ۲ را تشکیل داد. این دو توده فاصله زیادی از هم داشته (جدول ۳) و در واقع با بیشتر آغازگرها تولید قطعات چند شکل متمایزی نمودند (شکل ۱). در صورتی که دندروگرام حاصل در ضریب تشابه ۰/۷۸ قطع شود (شکل ۲)، هیجده توده‌ای باقی‌مانده به ۳ گروه تقسیم می‌شوند. گروه اول شامل توده‌های کرمانشاهی ۲، هفتون اصفهان، توده ۵۱۳ اصفهان، نهانندی، سه‌چین اصفهان، هفت‌چین اصفهان، هفت‌چین همدانی، چگنی، ده‌پیر، سیلانخور و الشتر بود. این گروه بیشترین تعداد توده‌های شبدر مورد بررسی را در خود جای داد. گروه دوم شامل دو توده از استان لرستان با نام‌های دورود و هراتی بروجرد بود و گروه سوم را توده‌های استان مرکزی شامل الیجان، بازنده، ریحان و تجره به همراه توده هفت‌چین بروجردی تشکیل دادند. در گروه اول توده‌های ده‌پیر و سیلانخور از لرستان و هفتون و سه‌چین از اصفهان در ضریب تشابه ۰/۹۰ به طور جداگانه تشکیل گروه‌های مشابهی دادند که نشان‌دهنده شباهت بالا بین این

توجه به حداکثر فاصله ژنتیکی برای تولید ارقام برت، مطالعات صفات مهم و بررسی روابط خویشاوندی در جنس شبدر استفاده نمود.

توده‌های بومی شبدر ایرانی مناسب بوده و می‌توان از نتایج به دست آمده برای سایر مطالعات ژنتیکی و اصلاحی شبدر ایرانی به منظور انتخاب والدین در برنامه‌های دورگ‌گیری با استفاده نمود.

### منابع مورد استفاده

۱. ارزانی، ا. ۱۳۸۰. اصلاح گیاهان زراعی (ترجمه). مرکز نشر دانشگاه صنعتی اصفهان.
۲. کریمی، ه. ۱۳۶۷. زراعت و اصلاح گیاهان علوفه‌ای. انتشارات دانشگاه تهران.
3. Dellaporta, S. L., J. Wood and J. B. Ticks. 1983. A plant molecular DNA minipreparation Version II. Plant. Mol. Biol. Rep. 1: 19-21.
4. Erlich, H. A. 1989. PCR Technology: Principle and Applications for DNA Amplification. Mostockton Press, USA.
5. Gawel, M., I. Wisniewska and A. Rafalski. 2002. Semi-specific PCR for evaluation of diversity among cultivars of wheat and triticale. Cell. Mol. Biol. Lett. 7: 577-582.
6. Gumez, O. J., M. W. Blair, B. E. Frankow and V. Gullberg. 2004. Molecular and phenotypic diversity of common bean landraces from Nicaragua. Crop Sci. 44: 1412-1418.
7. Gustine, D. L. and D. R. Huff. 1999. Genetic variation within and among white clover populations from managed permanent pastures of the northeastern USA. Crop Sci. 39: 524-530.
8. Gustine, D. L., P. W. Voigt, E. C. Brummer and Y. A. Papadopoulos. 2002. Genetic variation of RAPD markers of North American white clover collections and cultivars. Crop Sci. 42: 343-347.
9. Jrzetakiewicz, J., A. Nadolska-Orczyk and W. Orczyk. 2002. The use of RAPD and semi-random markers to verify somatic hybrids between diploid lines of *Solanum tuberosum* L. Cell Mol. Biol. Lett. 7:671-676.
10. Johns, M. A., P. W. Skroch, J. Nienhuis, P. Hinrichsen, G. Bascure and C. Munoz-Schick. 1997. Core pool classification of common bean landraces from Chile based on RAPD and morphological data. Crop Sci. 37: 605-613.
11. Kumar, L. S. 1999. DNA marker in plant improvement: An overview. Biotech. Adv. 17: 143-182.
12. Mohan, M., S. Nair, A. Bagwat, T. G. Krishna, M. Yano, C.R. Bhatia and T. Sasaki. 1997. Genome mapping, molecular markers and marker-assisted selection in crop plants. Mol. Breed. 3: 87-103.
13. Morris, J.B. and S.L. Greene. 2001. Defining a multiple-use germplasm collection for genus *Trifolium*. Crop Sci. 41: 893-901.
14. Nowoseielski, J., W. Podyma and D. N. W. Sielska. 2002. Molecular research on the genetic diversity of Polish varieties and landraces of *Phaseolus cocclineus* L. and *Phaseolus vulgaris* L. using the RAPD and AFLP methods. Cell. Mol. Biol. Lett. 7: 753-762.
15. Prasert, K., M. J. Waterway, B. E. Coulman and M. G. Fortin. 1996. Genetic variation among cultivars of red clover (*Trifolium pratense* L.) detected by RAPD markers amplified bulk DNA. Euphytica 89: 355-361.
16. Rafalski, A., L. Madej, I. Wisniewska and M. Gawelo. 2002. The genetic diversity of components of rye hybrids. Cell. Mol. Bio. Lett. 7: 471-475.
17. Rafalski, A., M. Gizinska and I. Wisniewska. 1997. PCR-based system for evolution of relationships among maize inbreds. PP. 106-111. In: Tsaftaries, A.S. (Ed.), Genetics and Biotechnology of Maize and Sorghum. Royal Soc. Chem., Cambridge, UK.
18. Sharma, K.K., J.H. Crouch and C.T. Hash. 2002. Applications of biotechnology for crop improvement: Prospects and constraints. Plant. Sci. 163: 381-395.
19. Taylor, N. L. 1987. Clover around the world. In: Taylor, N. L. (Ed.), Clover Science and Technology. Amer. Soc. Agron. Madison, WI.
20. Weining, S. and R. J. Henry. 1995. Molecular analysis of DNA polymorphism of barley (*Hordeum spontaneum*) germplasm using the polymerase chain reaction. Genet. Res. Crop. Evol. 42: 273-281.
21. Weining, S. and P. Langridge. 1991. Identification and mapping of polymorphisms in cereals on the polymerase chain reaction. Theor. Appl. Genet. 82: 209-216.