

Evaluation of genetic diversity and structure of *Ziziphus spina-Christi* populations in Khuzestan using SCoT markers

Yousef Mohammadi 

*Corresponding Author: Assistant Professor, Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran. Email address: mohammadi.yousef63@gmail.com

Farzad Banaei-Asl 

Assistant Professor, Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran. Email address: banaei.farzad@gmail.com

Abbas Pourmaidani 

Assistant Professor, Qom Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Qom, Iran. Email address: abbas.pourmeidani@gmail.com

Sajad Alimahmoodi Sarab 

Assistant Professor, Ahvaz Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Ahvaz, Iran. Email address: sajadali9@yahoo.com

Shiva Gheytranpour-Sehrigh 

PhD, Plant Breeding and Biotechnology Department, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran. Email address: shgh1989@yahoo.com

Abstract

Objective

Ziziphus spina-Christi is one of the key tree species in the Saharo-Sindian forests and plays an important role in reforestation programs in Khuzestan Province. Ensuring the availability of high-quality seeds and seedlings is a major priority for natural resource managers, and seed production areas, alongside seed orchards, serve as sustainable sources of forest reproductive material. This study aimed to evaluate the genetic diversity and structure of *Z. spina-Christi* seed production areas in Khuzestan Province.

Materials and Methods

Leaf samples from 75 genotypes representing five populations were collected. After DNA extraction, PCR amplification was carried out using 10 SCoT primers. The polymorphic information content (PIC) and genetic diversity parameters, including the number of alleles, effective number of alleles, Shannon's index, expected heterozygosity, and unbiased expected heterozygosity, were estimated using GenALEx 6.5. Nei's genetic distances among populations were calculated using NTSYS-2.10, and cluster analysis was performed using the UPGMA method. Analysis of molecular variance (AMOVA) and principal coordinate analysis (PCoA) were also conducted in GenALEx 6.5.

Results

Across the 10 SCoT primers, 78 alleles were detected, all of which were polymorphic. Primer SCoT26 produced the highest number of polymorphic alleles (14), while SCoT30 produced the lowest (4). The average PIC value was 0.429, with SCoT28 showing the highest PIC (0.468) and SCoT30 the lowest (0.357). Mean genetic diversity indices, including number of alleles, effective number of alleles, Shannon's index, expected heterozygosity, and unbiased expected heterozygosity, were 1.50, 1.40, 0.366, 0.244, and 0.252, respectively. AMOVA indicated that 67% of the total genetic variation was distributed within populations and 33% among populations. UPGMA clustering grouped the genotypes into 11 distinct clades.

Conclusion

The *Z. spina-Christi* populations in Khuzestan exhibit moderate to moderately high genetic diversity. This level of diversity represents a valuable genetic resource for the species, contributing to its adaptability under changing environmental conditions and supporting breeding and ecological restoration programs.

Keywords: Genetic diversity, Khuzestan, SCoT marker, *Z. spina-Christi*.

Paper Type: Research Paper.

Citation: Mohammadi Y, Banaei-Asl F, Pourmaidani A, Alimahmoodi Sarab Sajad, Gheytharandpour-Sehrigh S (2025) Evaluation of genetic diversity and structure of *Ziziphus spina-Christi* populations in Khuzestan using SCoT markers. *Journal of Genetics and Plant Breeding* 2 (3), 53-68.

Journal of Genetics and Plant Breeding 2 (3), 53-68.

DOI: 10.22103/gpb.2025.5692

Received: May 17, 2025.

Received in revised form: August 19, 2025.

Accepted: August 20, 2025.

Published online: September 25, 2025.



Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production,
Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and
Iranian Genetics Society.

© the authors



ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های کنار (*Ziziphus spina-Christi*) خوزستان با استفاده از نشانگرهای SCoT

 یوسف محمدی

*نویسنده مسئول، استادیار، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران.
رایانامه: mohammadi.yousef63@gmail.com

 فرزاد بنائی اصل

استادیار، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران. رایانامه:
banaei.farzad@gmail.com

 عباس پورمیدانی

استادیار، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی قم، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، قم، ایران. رایانامه:
abbas.pourmeidani@gmail.com

 سجاد عالی محمودی

استادیار، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی اهواز، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اهواز، ایران. رایانامه:
sajadali9@yahoo.com

 شیوا قیطران پور سهریق

دانش‌آموخته دکتری، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران. رایانامه:
shgh1989@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۲/۲۷ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۴/۰۵/۲۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۲۹

چکیده

هدف: گونه کنار (*Ziziphus spina-Christi*) از مهم‌ترین گونه‌های درختی جنگل‌های صحارا-سندی است و کارکرد مهمی در برنامه‌های جنگل‌کاری استان خوزستان دارد. تأمین بذر و نهال استاندارد از مهم‌ترین دغدغه‌های مدیران منابع طبیعی است.

محوطه‌های بذری به همراه باغ بذر از مهم‌ترین منابع پایدار تأمین بذر و نهال درختان و درختچه‌های جنگلی به‌شمار می‌روند. هدف این پژوهش، ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی محوطه‌های بذری کنار در استان خوزستان است.

مواد و روش‌ها: ابتدا نمونه‌های برگ ۷۵ پایه کنار از ۵ جمعیت، جمع‌آوری و پس از استخراج DNA، واکنش PCR با استفاده از ۱۰ نشانگر مولکولی SCoT انجام شد. محتوای اطلاعات چندشکلی نشانگرها با استفاده از اکسل محاسبه و پارامترهای تنوع ژنتیکی مانند تعداد آلل، تعداد آلل مؤثر، شاخص شانون، شاخص هتروزیگوسیتی مورد انتظار و شاخص هتروزیگوسیتی تصحیح‌شده با استفاده از نرم‌افزار GenALEX برآورد شد. از نرم‌افزار NTSYS برای برآورد فواصل ژنتیکی Nei در بین جمعیت‌ها و از روش UPGMA برای تجزیه و تحلیل خوشه‌ای استفاده شد. تجزیه واریانس مولکولی و همچنین تجزیه به مولفه‌های اصلی با نرم‌افزار GenALEX انجام گرفت.

نتایج: بر اساس الکتروفورز ژل آگارز، ۷۸ آلل برای این نشانگرها مشاهده شد که همگی چندشکل بودند. نشانگر SCoT26 با ۱۴ آلل بیشترین و نشانگر SCoT30 با ۴ آلل کمترین تعداد آلل چندشکل را داشتند. میانگین محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) برای آغازگرها ۰/۴۲۹ بود. در این تحقیق SCoT28 با داشتن بیشترین محتوای اطلاعات چندشکلی (۰/۴۶۸) نقش مهمی در تمایز پایه‌های مختلف کنار داشت و پایین‌ترین مقدار با ۰/۳۵۷ مربوط به آغازگر SCo30 بود. میانگین پارامترهای تنوع ژنتیکی شامل تعداد آلل، تعداد آلل مؤثر، شاخص شانون، هتروزیگوسیتی مورد انتظار و هتروزیگوسیتی تصحیح‌شده به ترتیب ۱/۵۰، ۱/۴۰، ۰/۳۶۶، ۰/۲۴۴ و ۰/۲۵۲ بود. تجزیه واریانس مولکولی نشان داد که ۶۷ درصد واریانس کل در درون جمعیت‌ها و ۳۳ درصد بین جمعیت‌ها توزیع شده است که نشان می‌دهد تنوع ژنتیکی در جمعیت‌ها بیشتر از بین جمعیت‌ها بود. براساس الگوریتم UPGMA ترسیم درخت فیلوژنتیک برای پایه‌های کنار انجام گرفت و پایه‌های مختلف کنار در ۱۱ گروه مشخص قرار گرفتند.

نتیجه‌گیری: نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که جمعیت‌های کنار در خوزستان از تنوع ژنتیکی متوسط تا نسبتاً مناسب برخوردارند. این تنوع ژنتیکی به‌عنوان سرمایه ارزشمندی برای بقای این گونه در شرایط متغیر محیطی و همچنین برای برنامه‌های اصلاحی و احیای رویشگاه‌های تخریب‌یافته محسوب می‌شود.

کلیدواژه‌ها: تنوع ژنتیکی، خوزستان، کنار، نشانگر SCoT.

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: محمدی یوسف، بنائی اصل فرزاد، پورمیدانی عباس، عالی محمودی سجاد، قیطان‌پور شیوا (۱۴۰۴) ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های کنار (*Ziziphus spina-Christi*) خوزستان با استفاده از نشانگرهای SCoT. مجله ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، ۵۳-۶۸، (۳)۲.



Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production,
Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and
Iranian Genetics Society

© the authors

مقدمه

گونه کنار (*Ziziphus spina-Christi*) متعلق به خانواده Rhamnaceae (عناوب یا کنار)، درختی برگ‌ریز از مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری بوده که در شمال آفریقا، جنوب اروپا، مدیترانه، استرالیا، آمریکا و در جنوب و شرق آسیا و خاورمیانه پراکنش دارد (Asgarpanah & Haghighat 2012). جنس *Ziziphus* از این خانواده حدود ۱۰۰ گونه درختی یا درختچه‌ای خزان‌دار و یا همیشه سبز دارد. در فلور ایرانیکا برای این جنس پنج گونه درختی و درختچه‌ای با نام‌های *Ziziphus* *Nummularia*، *Z. spina-christi*، *Z. oxyphylla*، *Z. mauritiana* و *Z. jujuba* معرفی شده است (Rechinger 1977). در ایران در نواحی غربی و جنوبی از لرستان تا خوزستان، کرمان، جیرفت و بلوچستان انتشار دارد (Mozaffarian 2004). این گیاه در طب سنتی به‌عنوان مسکن، برطرف‌کننده مشکلات کبدی و ادراری، چاقی، تب، اسهال، دیابت، اختلالات گوارشی، بی‌حالی، بی‌خوابی و عفونت‌های پوستی مورد استفاده قرار گرفته است. بذور آن نیز به‌عنوان منبع بالقوه ترکیبات ضد میکروبی شناخته می‌شوند (Bukar et al. 2015).

تنوع ژنتیکی زیربنای توانایی یک گونه برای سازگاری با تغییرات محیطی و بقا در شرایط متغیر است. شناخت میزان این تنوع در جمعیت‌های مختلف یک گونه، گامی اساسی در برنامه‌های اصلاحی، حفاظت از ذخایر توارثی و مدیریت پایدار منابع ژنتیکی محسوب می‌شود. در سال‌های اخیر، نشانگرهای مولکولی مبتنی بر DNA به ابزاری قدرتمند برای ارزیابی تنوع ژنتیکی، تعیین روابط خویشاوندی و تحلیل ساختار جمعیت‌ها تبدیل شده‌اند که نسبت به روش‌های ریخت‌شناسی و بیوشیمیایی از دقت و تکرارپذیری بالاتری برخوردارند (Mohammadi et al. 2025). تحقیقات ژنتیکی وسیعی بر روی ارزیابی تنوع ژنتیکی گونه‌های چوبی با نشانگرهای مولکولی صورت گرفته است که نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی زیاد بین جمعیت‌های مختلف یک گونه درختی است (Hao et al. 2018; Motahari et al. 2021; Buer et al. 2022).

پژوهش‌های شاخصی بر روی تنوع ژنتیکی گونه‌های مختلف کنار صورت گرفته است. مطالعه قرابت ژنتیکی بین ۱۵ ژنوتیپ *Z. mauritiana* با ۵ نشانگر SCoT، وجود تنوع ژنتیکی بالا بین ژنوتیپ‌ها را نمایان ساخت (Al Aboud et al. 2025). مطالعه Abdel-Sattar et al. (2024) بر روی ۱۱ *Z. mauritiana* با استفاده از ۵ نشانگر ISSR، نشان داد که تنوع ژنتیکی بالایی بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد. مطالعه تیمی از محققان بر روی ۱۱۷ پایه *Z. mauritiana* از چهار کشور چین، میانمار، پاکستان

و ویتنام با استفاده از ۱۴ نشانگر SSR نشان داد که همبستگی بالایی بین تنوع ژنتیکی و ناحیه جغرافیایی وجود دارد (Liang et al. 2019).

در بررسی که در سال ۲۰۱۷ بر روی ۱۰۱ پایه کنار با نشانگر 18s rDNA صورت گرفت، سطوح بالایی از تنوع ژنتیکی در سطح پایه‌ها مشاهده شد (Baghzadeh-Daryai et al. 2017). در مطالعه دیگری که در سال ۲۰۱۶ انجام شد، تنوع ژنتیکی بین پنج جمعیت کنار عربستان با استفاده از ۲۴ آغازگر RAPD و ISSR مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت و سطح بالایی از تمایز ژنتیکی در بین جمعیت‌ها مشاهده شد (Moustafa et al. 2016). در بررسی دیگر تنوع ژنتیکی چهار جمعیت *Z. nummularia* و *Z. mauritiana* در هندوستان با ۲۴ نشانگر SSR مورد بررسی قرار گرفت و سطح بالایی از تنوع ژنتیکی مشاهده گردید (Sareen et al. 2023). در پژوهشی دیگر (Alansi et al. 2016) با استفاده از ۱۱ نشانگر ISSR تنوع و ساختار ژنتیکی ۳۴ پایه از جمعیت‌های مختلف کنار در عربستان را مورد بررسی قرار دادند و به این نتیجه رسیدند که ۹۰ درصد واریانس ژنتیکی در درون جمعیت و ۱۰ درصد در بین جمعیت تبیین شده است. مطالعه انجام شده توسط (Zandifar et al. 2021) بر روی ۲۰ پایه کنار جمع شده از خوزستان، فارس و کهگیلویه و بویراحمد با استفاده از ۱۲ نشانگر ISSR نشان داد که پایه‌های هر جمعیت در کلاسترهای مشخصی قرار گرفتند و همبستگی مثبتی بین منطقه و تنوع ژنتیکی وجود داشت.

در میان نشانگرهای مختلف مولکولی، نشانگر ¹SCoT رویکردی نوین مبتنی بر واکنش زنجیره‌ای پلیمرز است که نواحی حفاظت‌شده پیرامون کدون شروع ATG در ژن‌های گیاهی را هدف قرار می‌دهد (Collard & Mackill 2009). این نشانگرها که توارث غالب دارند، چندین مزیت قابل توجه از جمله تکرارپذیری بالا، چندشکلی مطلوب، هزینه نسبتاً پایین و عدم نیاز به اطلاعات توالی ژنی پیشین را دارا می‌باشند. علاوه بر این، از آنجا که SCoT ناحیه کدکننده ژن‌ها را نشانه می‌رود، احتمال هم‌مکانی با جایگاه‌های کنترل صفات کمی را افزایش می‌دهد و می‌تواند ارتباط معناداری بین تنوع مولکولی و تفاوت‌های فنوتیپی برقرار کند (Buer et al. 2022). هدف از پژوهش حاضر، ارزیابی تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت‌های مختلف کنار در ایران با استفاده از نشانگرهای SCoT، تحلیل ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها و تعیین رابطه بین تمایز ژنتیکی و پراکنش جغرافیایی آن‌ها است. نتایج حاصل از این تحقیق می‌تواند زمینه‌ساز شناسایی ذخایر ژنتیکی باارزش، طراحی راهبردهای حفاظتی مؤثر و استفاده بهینه از این منابع در برنامه‌های اصلاحی آینده باشد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری: در این مطالعه، نمونه‌های برگ‌ی جوان از ۷۵ پایه کنار متعلق به ۵ جمعیت مختلف از استان خوزستان جمع‌آوری شد. از هر جمعیت ۱۵ پایه سالم و دارای بذر کافی انتخاب شد. فاصله پایه‌ها از همدیگر حداقل ۵۰ متر بود تا قرابت ژنتیکی

پایه‌ها به حداقل برسد. نمونه‌ها بلافاصله در کیسه‌های پلاستیکی حاوی سیلیکاژل قرار داده شدند و تا زمان استخراج DNA در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. مختصات جغرافیایی هر یک از جمعیت‌ها در جدول ۱ و شکل ۱ آورده شده است.

جدول ۱. مشخصات جغرافیایی جمعیت‌های کنار استان خوزستان

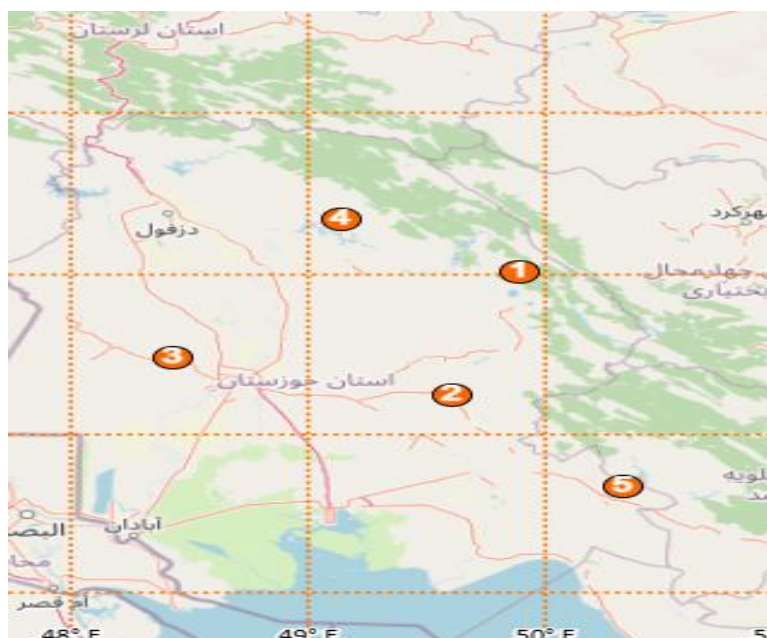
Table 1. Geographical characteristics of populations of *Z. spina-Christi* in Khuzestan province

تعداد پایه Number	عرض جغرافیایی Latitude	طول جغرافیایی Longitude	جمعیت Population
15	3543040	394889	ایذه (A) Izeh
15	3458168	367204	رامهرمز (B) Ramhormoz
15	3486018	255893	حمیدیه (C) Hamidiyeh
15	3580134	324748	لالی (D) Lali
15	3394007	435198	بهبهان (E) Behbahan

ارزیابی مولکولی: برای استخراج DNA از بافت برگ، مقدار ۵۰ میلی‌گرم از نمونه‌های گیاهی برداشت شد و فرایند استخراج با بهره‌گیری از پروتکل اصلاح‌شده CTAB (Saghai-Marooft et al. 1984) انجام پذیرفت. پس از اتمام استخراج، خلوص و غلظت DNA به‌دست‌آمده با دو روش اسپکتروفتومتری (Thermo Fisher nanodrop 2000) و ژل آگارز ۱ درصد بررسی گردید. در ادامه، تعداد ۲۹ آغازگر از نوع SCoT بر مبنای مطالعات پیشین (Luo et al. 2010; Vivodik et al. 2019) گزینش و توسط شرکت Metabion (آلمان) سنتز شدند. در گام نخست غربالگری، از میان این آغازگرها، ۱۰ عدد که بیشترین میزان چندشکلی را نشان می‌دادند انتخاب شده و برای بررسی ۷۵ پایه کنار به کار گرفته شدند (جدول ۲).

مخلوط واکنش PCR برای هر نمونه در حجم نهایی ۱۰ میکرولیتر شامل ۵ میکرولیتر مسترمیکس قرمز (Ampliqon, Denmark)، ۱ میکرولیتر از هر آغازگر SCoT با غلظت ۱۰ پیکومول، ۱ میکرولیتر DNA استخراج‌شده با غلظت ۲۰ نانوگرم و ۳ میکرولیتر آب دیونیزه استریل، تهیه گردید. فرایند تکثیر با استفاده از دستگاه Mastercycler Gradient شرکت Eppendorf (آلمان) و طبق برنامه دمایی: یک مرحله واسرشته‌سازی ابتدایی در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه؛ سپس ۴۰ چرخه تکراری که هر یک شامل واسرشته‌سازی در ۹۵ درجه سانتی‌گراد (۱ دقیقه)، اتصال در دمای اختصاصی هر آغازگر (۱ دقیقه)، و بسط در ۷۲ درجه سانتی‌گراد (۱ دقیقه) بود؛ و در پایان یک مرحله بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه اجرا شد. پس

از اتمام واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، محصولات تکثیرشده روی ژل آگارز ۲ درصد از لحاظ اندازه و الگوی بان‌دی تفکیک شدند. در نهایت، از ژل‌های حاصل عکس‌برداری به‌عمل آمد.



شکل ۱. نقشه جمعیت‌های کنار در منطقه پژوهش

Figure 1. Geographical distribution of *Z. spina-Christi* populations in Khuzestan Province

تجزیه و تحلیل داده‌ها: به علت کیفی بودن داده‌های حاصل از الکتروفورز، برای امتیازدهی به ژل‌های به‌دست‌آمده برای هر کدام از آغازگرها، با استفاده از نرم‌افزار Excel جدول صفر و یک تشکیل شد که مبنای کد صفر (عدم وجود بان‌د) و کد یک (وجود بان‌د) بود. هر کدام از بان‌دها در بین پایه‌ها به عنوان یک آل در نظر گرفته شدند. محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC)^۱ نشانگرها با استفاده از نرم‌افزار Excel برای هر آغازگر محاسبه شد. در این مطالعه تعداد آل مؤثر (Ne)، شاخص شانون (I)، شاخص هتروزیگوسیتی (He) و شاخص هتروزیگوسیتی تصحیح شده (uHe) با استفاده از نرم‌افزار GenAlex در جمعیت‌های مختلف کنار محاسبه شد. تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA)^۲ با استفاده از نرم‌افزار GenAlex محاسبه شد (جدول ۳). فاصله تشابه ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف مورد مطالعه با استفاده از نرم‌افزار NTSYS محاسبه شد. تجزیه به مولفه‌های اصلی (PCOA)^۳ به‌وسیله نرم‌افزار GenAlex مورد بررسی قرار گرفت. دسته‌بندی خوشه‌ها با استفاده از نرم‌افزار NTSYS و به‌روش UPGMA انجام گرفت.

1 Polymorphic Information Content
2 Analysis of Molecular Variance
3 Principal Coordinates Analysis

نتایج و بحث

در مطالعه حاضر برای ۱۰ نشانگر در مجموع ۷۸ آلل مشاهده شد که همه ۷۸ آلل یا به عبارت دیگر ۱۰۰ درصد آلل‌ها به عنوان آلل چندشکل تشخیص داده شد. این سطح از چندشکلی نشانگرهای SCoT در مطالعات قبلی بر روی درختان جنگلی به اثبات رسیده است و با مطالعات پیشین مطابقت دارد (Liu et al. 2025; Buer et al. 2022). تعداد آلل‌ها برای آغازگر از ۴ تا ۱۴ متغیر بود که آغازگر ۲۶ SCoT با ۱۴ آلل بیشترین و ۳۰ SCoT با ۴ آلل کمترین آلل را در بین آلل‌های تولیدی توسط هر یک از آغازگرها داشتند (جدول ۴). محتوای اطلاعات چندشکلی نشانگرها، بیانگر قدرت تمایز هر آغازگر است. این اندازه‌گیری به‌عنوان قدرت تشخیص نشانگر، هم به تعداد نشانگرهای چندشکلی در هر آغازگر و هم به فراوانی هر نشانگر بستگی دارد (Nagy et al. 2012). در نشانگرهای غالب شاخص PIC از صفر تا نیم متغیر بوده و هرچه این عدد بزرگ‌تر باشد بیانگر فراوانی بیشتر چندشکلی برای آن جایگاه در پایه‌های مورد مطالعه و توانایی بالای آن در تعیین فاصله ژنتیکی پایه‌ها است. بالاترین میزان شاخص PIC با مقدار ۰/۴۶۸ مربوط به ۲۸ SCoT و پایین‌ترین میزان با مقدار ۰/۳۵۷ مربوط به ۳۰ SCoT بود. از این نظر ۲۸ SCoT دارای بیشترین توانایی در تعیین فاصله ژنتیکی پایه‌ها بود و پتانسیل آن را برای شناسایی ژنوتیپ نشان داد. این یافته‌ها، کاربرد نشانگرهای SCoT را در توصیف ژرم‌پلاسم و استراتژی‌های حفاظت برجسته می‌کند. میانگین PIC در این مطالعه ۰/۴۲۹ است که با مطالعات محققان قبلی بر روی گونه‌های مختلف جنس *Ziziphus* مطابقت دارد (Abdel-Sattar et al. 2024; Sareen et al. 2007; Singh et al. 2023).

جدول ۲. مشخصات آغازگرهای مورد استفاده

Table 2. Specifications of the used primers

نام آغازگر	توالی آغازگر	دمای اتصال	محتوای اطلاعات	تعداد باندهای
Primer name	Primer sequence	AT (°C)	چندشکلی PIC Value	چندشکل PB
SCoT5	CAACAATGGCTACCACGA	53	0.465	7
SCoT7	CAACAATGGCTACCACGG	53	0.450	5
SCoT10	CAACAATGGCTACCAGCC	56	0.458	6
SCoT11	AAGCAATGGCTACCACCA	53	0.375	5
SCoT12	ACGACATGGCGACCAACG	56	0.410	10
SCoT14	ACGACATGGCGACCACCG	55	0.415	7
SCoT26	ACCATGGCTACCACCGTC	53	0.435	14
SCoT28	CAACAATGGCTACCACCA	55	0.468	8
SCoT30	CCATGGCTACCACCGGCG	55	0.357	4
SCoT35	CATGGCTACCACCGGCC	55	0.459	11

AT Annealing Temperature, PB polymorphic bands

جدول ۳. پارامترهای تنوع ژنتیکی ده آغازگر SCoT در پایه‌های کنار

Table 3. Genetic diversity parameters of 10 SCoT primers in individuals of *Z. spina-Christi*

جمعیت	تعداد آل	تعداد آل مؤثر	شاخص شانون	هتروزیگوسیتی	هتروزیگوسیتی
Population	Na	Ne	I	مورد انتظار	مورد انتظار
				He	uHe
ایذه (A)	1.179	1.299	0.283	0.186	0.193
Izeh					
رامهرمز (B)	1.744	1.564	0.471	0.321	0.332
Ramhormoz					
حمیدیه (C)	1.346	1.322	0.288	0.193	0.199
Hamidiyeh					
لالی (D)	1.603	1.447	0.399	0.266	0.275
Lali					
بهبهان (E)	1.641	1.400	0.388	0.252	0.261
Behbahan					
میانگین	1.503	1.406	0.366	0.244	0.252
Mean					

تجزیه واریانس مولکولی درون و بین جمعیت‌ها با استفاده از نرم‌افزار GenAlex به منظور تعیین تعداد مطلوب خوشه و تعیین بهترین نقطه برش دندروگرام صورت گرفت. همچنین اجزای واریانس محاسبه و سهم هریک از آن‌ها در تنوع کل تعیین شد. تعیین تفاوت ژنتیکی و تعیین حد مطلوب خوشه در تجزیه خوشه‌ای از کاربردهای تجزیه واریانس مولکولی می‌باشد. طبق اطلاعات جدول ۴ اختلاف معنی‌داری در سطح آماری یک درصد درون و بین جمعیت‌ها وجود دارد. حدود ۳۳ درصد از واریانس کل در بین جمعیت‌ها و ۶۷ درصد نیز درون جمعیت‌ها تبیین می‌شود. سهم بالای تنوع درون جمعیتی را می‌توان به طبیعت دگرگشن گونه کنار، جریان ژنی نسبتاً بالا از طریق گرده و بذر، و همچنین عدم جدایی شدید جغرافیایی میان جمعیت‌های مورد مطالعه نسبت داد. گونه کنار درختی دگرگشن با گرده‌افشانی عمدتاً توسط حشرات است. در گونه‌های دگرگشن، تنوع ژنتیکی عمدتاً درون جمعیت‌ها متمرکز است. وجود ۳۳ درصد تمایز بین جمعیتی نشان می‌دهد که اگرچه جمعیت‌ها تا حدودی از هم متمایز شده‌اند، اما جریان ژنی بین آن‌ها در سطحی است که از واگرایی شدید جلوگیری کرده است. این موضوع با توجه به قابلیت حمل دانه توسط پرندگان و پستانداران (میوه کنار خوراکی است و به آسانی جابه‌جا می‌شود) و همچنین گرده‌افشانی توسط زنبورها که شعاع پرواز نسبتاً وسیعی دارند، قابل توجیه است. مطالعات نشان داده است که گونه‌های دگرگشن نسبت به گونه‌های خودگشن، تمایز بین جمعیتی کمتری دارند (Nybom 2004).

جدول ۴. تجزیه واریانس مولکولی جمعیت‌های کنار

Table 4. AMOVA analysis for studied populations of *Z. spina-Christi*.

منبع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	درصد واریانس تبیینی	سطح معنی‌داری
Source of variation	df	SS	MS	%	p
بین جمعیت	4	414.82	103.77	33%	<0.001
Among Population					
درون جمعیت	70	859.33	12.27	67%	<0.001
Within Population					

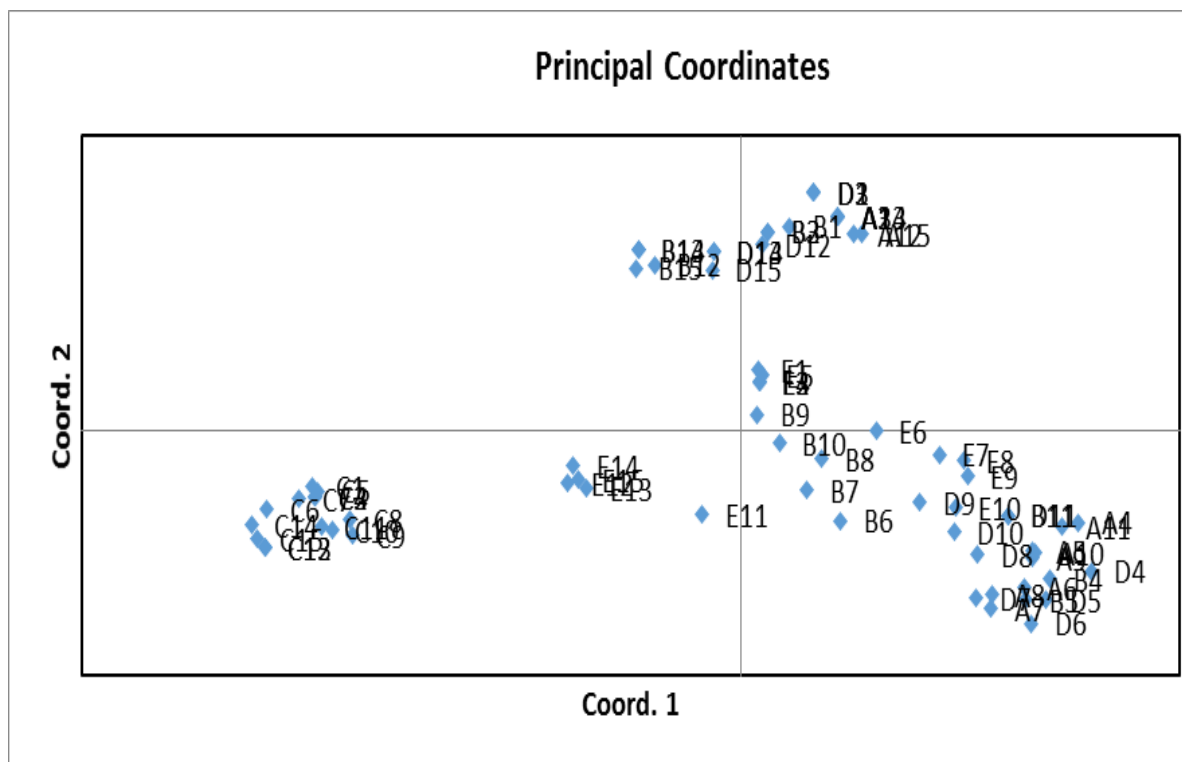
فاصله و تشابه ژنتیکی بین جمعیت‌های ۵ گانه مورد مطالعه کنار که با استفاده از ۱۰ نشانگر SCoT و به‌دست آوردن ۷۸ آلل چندشکل امتیازدهی شده بودند، نشان داد که بالاترین تشابه ژنتیکی بین جمعیت‌های لالی و رامهرمز و پایین‌ترین میزان تشابه بین جمعیت‌های حمیدیه و ایزه وجود دارد (جدول ۵).

جدول ۵. تشابه ژنتیکی بین جمعیت‌های مختلف کنار با ضریب نی

Table 5. Pairwise Population Matrix of Nei Genetic Identity

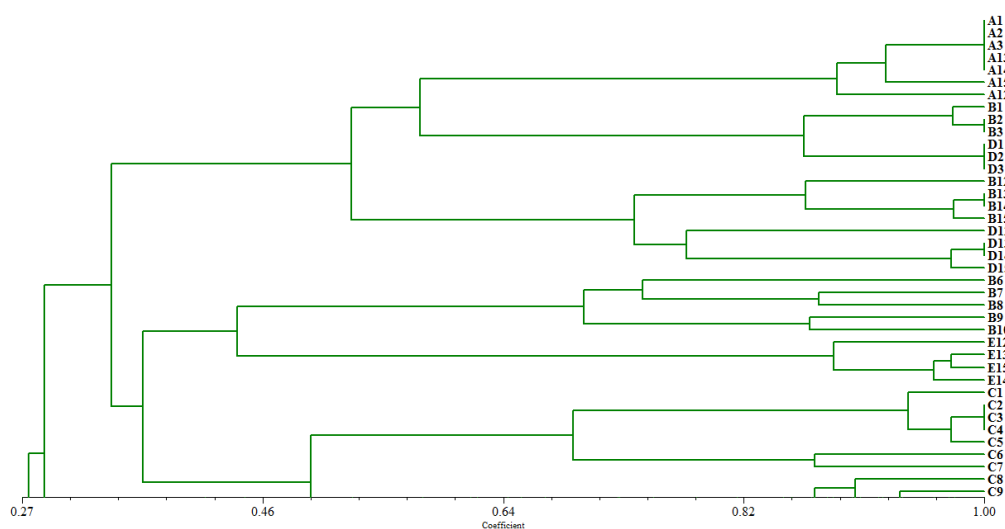
جمعیت					
Population					
Izeh	Ramhormoz	Hamidiyeh	Lali	Behbahan	
1.000					Izeh
0.860	1.000				Ramhormoz
0.639	0.653	1.000			Hamidiyeh
0.896	0.960	0.640	1.000		Lali
0.770	0.764	0.646	0.773	1.000	Behbahan

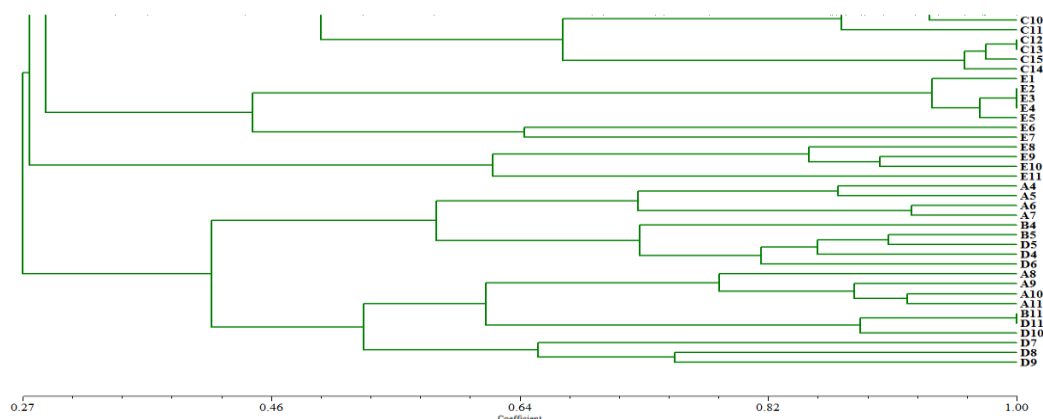
برای بررسی تنوع آلی در بین جمعیت‌های مختلف کنار از تجزیه به مولفه‌های اصلی استفاده شد (شکل ۲). نتایج حاصل نشان می‌دهد که مولفه اول و دوم ۴۸/۵۹ درصد از تغییرات و هر سه مولفه ۶۴/۶۲ درصد از تغییرات را توجیه می‌کنند. تجزیه و تحلیل ساختار ۷۵ پایه کنار با استفاده از دندروگرام UPGMA که بر اساس ماتریس فاصله ژنتیکی نی و بر اساس ۷۸ آلل نمره‌دهی شده از ۱۰ آغازگر SCoT ساخته شده بود، نشان داد که پایه‌ها در ۱۱ کلاس مجزا قرار می‌گیرند (شکل ۳). علیرغم متفاوت بودن منشأ جمعیتی بعضی از پایه‌ها، این پایه‌ها در کلاس یکسانی قرار گرفتند که نشان‌دهنده پیشینه اجدادی مشترک (منشأ جغرافیایی، رفتار دگرگرده‌افشانی و اختلاط تاریخی) است (Al Aboud et al. 2025).



شکل ۲. نمودار پراکنش پایه‌های مختلف کنار حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی

Figure 2. Principal coordinate analysis of the individuals in *Z. spina-Christi* populations





شکل ۳. خوشه‌بندی حاصل از الگوریتم UPGMA

Figure 3. Clustering resulting from the UPGMA algorithm

نتیجه‌گیری: در این پژوهش، تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی گونه کنار در مناطق مختلف استان خوزستان با استفاده از نشانگرهای مولکولی SCoT مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج حاصل از آنالیزهای مولکولی، وجود تنوع ژنتیکی مناسب را در میان جمعیت‌های مورد مطالعه نشان داد. میزان متوسط شاخص‌های تنوع ژنتیکی از جمله شاخص شانون (I) و هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) به‌ترتیب برابر با ۰/۳۶۶ و ۰/۲۴۴ محاسبه شد که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی مناسب در این گونه در استان خوزستان است. بر اساس آنالیز واریانس مولکول (AMOVA)، تنوع درون جمعیتی ۶۷ درصد و تنوع بین جمعیتی ۳۳ درصد برآورد گردید که نشان‌دهنده سهم بیشتر تنوع درون جمعیتی است. این الگوی توزیع تنوع می‌تواند ناشی از عواملی مانند نوع گرده‌افشانی، انتقال بذر، جریان ژنی و ساختار جمعیتی باشد. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای، جمعیت‌های مورد بررسی را در ۱۱ گروه مجزا تفکیک کرد. این گروه‌بندی تا حدودی با پراکنش جغرافیایی جمعیت‌ها مطابقت داشت که می‌تواند ناشی از جابه‌جایی بذر توسط عوامل محیطی یا فعالیت‌های انسانی باشد. در مجموع، نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که علی‌رغم تخریب زیستگاه‌ها و عوامل تهدیدکننده، جمعیت‌های کنار در خوزستان از سطح نسبتاً مطلوب تنوع ژنتیکی برخوردارند. این تنوع ژنتیکی به‌عنوان سرمایه ارزشمندی برای بقای این گونه در شرایط متغیر محیطی و همچنین برای برنامه‌های اصلاحی و احیای رویشگاه‌های تخریب‌یافته محسوب می‌شود. با این حال، به‌دلیل تهدیدات موجود، اتخاذ راهکارهای حفاظتی نظیر حفاظت از جمعیت‌های با تنوع بالا، جلوگیری از تخریب رویشگاه‌ها و جمع‌آوری بذر از جمعیت‌های متمایز ژنتیکی برای ذخیره در بانک ژن ضروری به نظر می‌رسد.

تشکر و قدردانی

این پژوهش با حمایت مالی موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور برگرفته شده از طرح ۰۹-۱۵۵-۰۰۰۵۹-۰۰۱۳۴۳-۰۹-۰۹ انجام شد و نویسندگان کمال تشکر و قدردانی را دارند.

References

- Abdel-Sattar, M., Al-Obeed, R. S., Rihaan, H. Z., & El-Badan, G. E. (2024). Genetic diversity and relationships among Indian Jujube (*Ziziphus mauritiana* Lamk.) cultivars using morphometric characteristics, matK barcoding, and ISSR markers. *Diversity*, 16(6), 313. <https://doi.org/10.3390/d16060313>
- Al Aboud, N. M., Maryam, M., Ahmad, I., Al-Beltagi, H., Al-Dossary, O., Alsubaie, B., & Fiaz, S. (2025). Phytochemical profiling and SCOT marker analysis reveal genetic diversity in *Ziziphus mauritiana* genotypes. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 53(4), 14943-14943. <https://doi.org/10.15835/nbha53414943>
- Alansi, S., Tarroum, M., Al-Qurainy, F., Khan, S., & Nadeem, M. (2016). Use of ISSR markers to assess the genetic diversity in wild medicinal *Ziziphus spina-christi* (L.) Willd. collected from different regions of Saudi Arabia. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 30(5), 942-947. <https://doi.org/10.1080/13102818.2016.1199287>
- Asgarpanah, J., & Haghighat, E. (2012). Phytochemistry and pharmacologic properties of *Ziziphus spina christi* (L.) Willd. *African Journal of Pharmacy and Pharmacology*, 6(31), 2332-2339. <https://doi.org/10.5897/AJPP12.509>
- Baghzadeh-Daryaii, L., Sharifi-Sirchi, G. R., & Samsampoor, D. (2017). Morphological, phytochemical and genetic diversity of *Ziziphus spina-Christi* (L) Des. in South and Southeastern of Iran. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*, 7, 99-107. <https://doi.org/10.1016/j.jarmap.2017.06.006>
- Buer, H., Rula, S., Wang, Z. Y., Fang, S., & Bai, Y. E. (2022). Analysis of genetic diversity in *Prunus sibirica* L. in inner Mongolia using SCoT molecular markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 69(3), 1057-1068. <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01284-4>
- Bukar, A. M., Kyari, M. Z., Gwaski, P. A., Gudusu, M., Kuburi, F. S., & Abadam, Y. I. (2015). Evaluation of phytochemical and potential antibacterial activity of *Ziziphus spina-christi* L. against some medically important pathogenic bacteria obtained from University of Maiduguri Teaching Hospital, Maiduguri, Borno State-Nigeria. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 3(5), 98-101.
- 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. <https://doi.org/10.1007/s11105-008-0060-5>
- Hao, J., Jiao, K., Yu, C., Guo, H., Zhu, Y., Yang, X., & Shen, C. (2018). Development of SCoT-based SCAR marker for rapid authentication of *Taxus media*. *Biochemical Genetics*, 56, 255-266. <https://doi.org/10.1007/s10528-018-9842-0>
- Liang, T., Sun, W., Ren, H., Ahmad, I., Vu, N., Maryam, & Huang, J. (2019). Genetic diversity of *Ziziphus mauritiana* germplasm based on SSR markers and ploidy level estimation. *Planta*, 249(6), 1875-1887. <https://doi.org/10.1007/s00425-019-03133-2>
- Liu, M., He, H., Zhang, B., Zuo, J., Ding, W., Zheng, B., & Wang, X. (2025). Genetic Diversity Analysis in Natural Chinese Holly Using ISSR and SCoT Markers. *Horticulturae*, 11(9), 1078. <https://doi.org/10.3390/horticulturae11091078>
- Luo, C., He, X. H., Chen, H., Ou, S. J., & Gao, M. P. (2010). Analysis of diversity and relationships among mango cultivars using Start Codon Targeted (SCoT) markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 38(6), 1176-1184. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2010.11.004>
- Mohammadi, Y., Mashayekhi, M., & Gheythanpour Sehrigh, S. (2025). Evaluation of genetic diversity and population structure of *Juniperus excelsa* M. Bieb. in Ardabil using SCoT

- markers. *Iranian Journal of Forest*, 17(1), 1-12.
<https://doi.org/10.22034/ijf.2024.433673.1960>
- Motahari, B., Shabaniyan, N., Rahmani, M. S., & Mohammad-Hasani, F. (2021). Genetic diversity and genetic structure of *Acer monspessulanum* L. across Zagros forests of Iran using molecular markers. *Gene*, 769, 145245. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.145245>
- Moustafa, M. F., Quraishi, M. S., & Alrumman, S. A. (2016). Variations in genetic and chemical constituents of *Ziziphus spina-christi* L. populations grown at various altitudinal zonation up to 2227 m height. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 14(2), 349-362. <https://doi.org/10.1016/j.jgeb.2016.09.001>
- Mozaffarian, V. (2004). Names of plants, Iranian culture, contemporary publications, third printing, pp: 455-592.
- Nagy, S., Poczai, P., Cernák, I., Gorji, A.M., Hegedűs, G., & Taller, J. (2012). PICcalc: an online program to calculate polymorphic information content for molecular genetic studies. *Biochemical Genetics*, 50, 670-672. <https://doi.org/10.1007/s10528-012-9509-1>
- Nybom, H. (2004). Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Molecular Ecology*, 13(5), 1143-1155. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02141.x>
- Rechinger, K. H. (1977). Flora des Iranischen Hochlandes und der Umrahmenden Gebiege, Akademische Druck-u. Verlagsanstalt Graz-Austria, 123: 4-9.
- Saghai-Marouf, M. A., Soliman, K. M., Jorgensen, R. A., Allard, R. (1984). Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 81 (24), 8014-8018. <https://doi.org/10.1073/pnas.81.24.8014>
- Sareen, A., Sharma, V., & Gupta, R. C. (2023). Assessment of genetic diversity and population structure in wild *Ziziphus* species from northwest India using SSR marker technique. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 21(1), 4. <https://doi.org/10.1186/s43141-022-00458-6>
- Singh, A. K., Devanshi, Sharma, P., Singh, R., Singh, B., Koundal, K. R., & Singh, N. K. (2007). Assessment of genetic diversity in *Ziziphus mauritiana* using inter-simple sequence repeat markers. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 16(1), 35-40. <https://doi.org/10.1007/BF03321926>
- Vivodík, M., Balážová, Ž., Gálová, Z., & Petrovičová, L. (2019). Start codon targeted polymorphism for evaluation of functional genetic variation and relationships in cultivated castor (*Ricinus communis* L.) genotypes. *Genetika*, 51(1), 137-146. <https://doi.org/10.2298/GENSR1901137V>
- Zandifar, K., Badi, H. N., Mehrafarin, A., & Nohooji, M. G. (2021). Use of ISSR hybrid markers to assess the genetic diversity in wild medicinal *Ziziphus nummularia* (burn. f.) wight & arn. collected from different regions of iran. *Plant Archives*, 21(1), 2235-2239.