

ارزیابی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های گیاه قره‌قاط (*Vaccinium arctostaphylos* L.) با**استفاده از نشانگر مولکولی SCOT****عادل پورمحبت^۱، علیرضا قنبری^{۲*}، اصغر استاجی^۳، موسی ترابی گیگلو^۴، مجتبی فتحی^۵، سمیه فهیم^۶**^۱-دانشجوی کارشناسی ارشد گروه علوم باغبانی دانشگاه محقق اردبیلی^۲-دانشیار گروه علوم باغبانی دانشگاه محقق اردبیلی^۳-دانشجوی پسا دکتري گروه علوم باغبانی دانشگاه محقق اردبیلی^۴-استادیار گروه علوم باغبانی دانشگاه محقق اردبیلی^۵-دانشجوی دکتری دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات^۶-دانشجوی دکتری گروه علوم باغبانی دانشگاه محقق اردبیلی**چکیده**

گیاه قره‌قاط (*Vaccinium arctostaphylos* L.) به‌عنوان یک گیاه دارویی از خانواده اریکاسه می‌باشد. میوه و برگ‌های قره‌قاط در طب سنتی ایران برای درمان دیابت و فشار خون استفاده می‌شد. این گونه تنها گونه‌ی موجود در ایران از وکسینیوم بوده و زیر سایه راشستان‌ها بصورت درختچه رشد می‌کند. در تحقیق حاضر، برگ‌های جوان قره‌قاط از تعداد ۳۰ ژنوتیپ انتخابی از سه منطقه مختلف در ریشگاه طبیعی آن در استان اردبیل شامل سوها و سقزچی شهرستان نمین و محله زندانه در جاده خلخال- پونل جمع‌آوری شد. استخراج DNA از نمونه‌های برگ‌ی جوان با استفاده از روش CTAB با کمی تغییرات انجام شد و با استفاده از ۸ نشانگر SCoT توسط دستگاه PCR تکثیر یافتند. تعداد کل باندهای ایجاد شده توسط نشانگرها ۵۲۷ باند بود که بیشترین تعداد باند توسط آغازگر SCoT1 تکثیر شد. میانگین اطلاعات چندشکلی نشانگرها ۰/۳۱ بدست آمد که بیشترین چندشکلی مربوط به نشانگر SCoT5 به میزان ۰/۴۵ محاسبه شد. تشابه ژنتیکی نمونه‌های مورد بررسی با استفاده از ضریب تشابه جاکارد از ۰/۱۵ تا ۰/۸۲ متغیر بود که کمترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های 6-Souha با 8-souha و بیشترین فاصله ژنتیکی نیز بین ژنوتیپ‌های 10-Souha و 5-Saghez مشاهده شد. رسم دندروگرام با استفاده از روش الگوریتم تجزیه‌ی خوشه‌ای NJ، ژنوتیپ‌ها را به شش گروه تقسیم‌بندی کرد.

واژگان کلیدی: قره‌قاط، نشانگر SCoT، تجزیه‌ی خوشه‌ای