

مطالعه تنوع ژنتیکی و گروه های جغرافیایی برخی از ارقام و ژنوتیپ های زردآلو با استفاده از

### نشانگر AFLP

پرستو مجیدیان<sup>1</sup>، مهرشاد زین العابدینی<sup>2\*</sup>، جلیل دژم پور<sup>3</sup>، حمید نجفی<sup>4</sup>، محسن مردی<sup>5</sup>، محسن دباب<sup>6</sup>، مریم فارسی<sup>6</sup>

<sup>1</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد، بخش زراعت و اصلاح نبات، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

<sup>2</sup> استادیار بخش ژنومیکس، انستیتو تحقیقاتی بیوتکنولوژی کشاورزی ایران

<sup>3</sup> استادیار مرکز تحقیقات کشاورزی آذربایجان شرقی

<sup>4</sup> استادیار بخش زراعت و اصلاح نبات، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

<sup>5</sup> دانشیار بخش ژنومیکس، انستیتو تحقیقاتی بیوتکنولوژی کشاورزی ایران

<sup>6</sup> دانشجوی کارشناسی ارشد، بخش ژنومیکس، انستیتو تحقیقاتی بیوتکنولوژی کشاورزی ایران

تاریخ دریافت: 1390/07/23، تاریخ پذیرش: 1390/11/20

### 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. هدف از این مطالعه ارزیابی تنوع ژنتیکی و ساختار ژنتیکی ارقام و ژنوتیپ های زردآلو بر اساس منشا جغرافیایی آنها می باشد. بر این اساس تنوع ژنتیکی 42 رقم و ژنوتیپ زردآلوی موجود در کلکسیون های سهند تبریز و باغ گیاهشناسی دانشکده باغبانی لدنیه جمهوری چک، با استفاده از نشانگرهای AFLP نشاندار با فلورسنت ارزیابی شد. در ابتدا 30 ترکیب پرایمر انتخابی بر اساس ترکیب پرایمری موجود روی 42 نمونه زردآلو مورد آزمایش قرار گرفت که 5 ترکیب پرایمری با بیشترین مقدار چندشکلی و الگوی باندهای واضح، در ادامه پژوهش مورد استفاده قرار گرفتند. تعداد کل باندهای محاسبه شده توسط این 5 پرایمر 187 بود که پرایمر MGAG/ETG با مقدار چندشکلی برابر با 63/1% بیشترین میزان چندشکلی و پرایمر MTTT/ETG با چندشکلی برابر با 53/9% کمترین مقدار را نشان دادند. نتایج این پژوهش نشان داد ارقام و ژنوتیپ های زردآلو موجود در کلکسیون های ایران و چک بر اساس منشا و پراکندگی جغرافیایی در گروه بندی های مجزایی قرار می گیرند. بررسی تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیت بین ارقام و ژنوتیپ های زردآلوی مورد مطالعه و حتی دیگر گونه های *Prunus* با استفاده از ترکیب نشانگرهای AFLP نشاندار در مقایسه با روش متداول AFLP نتایج کارآمدتری را نشان داد.

**کلمات کلیدی:** زردآلو، نشانگرهای AFLP نشاندار، چند شکلی، تنوع ژنتیکی.

شده به کمک این داده ها امکان گروه بندی ارقام (منطبق با منشاء جغرافیایی) را فراهم ساخت (Hagen et al., 2002). هدف از این پژوهش، ارزیابی کاربرد نشانگرهای AFLP نشاندار با فلورسنت به منظور بررسی تنوع ژنتیکی 42 نمونه از ارقام و ژنوتیپ های زردآلو ایران و چک و نیز ارزیابی دقیق روابط ژنتیکی و گروه بندی آنها بر اساس منشا جغرافیایی می باشد.

### مواد و روش ها

مواد گیاهی مورد نظر در این پژوهش شامل 42 ژنوتیپ و رقم جمع آوری شده از کلکسیون های سهند تبریز و باغ گیاهشناسی دانشکده باغبانی لدنیه<sup>1</sup> جمهوری چک، شامل ژنوتیپ های امید بخش حاصل از برنامه های اصلاحی جدید و برخی از ارقام تجاری زردآلو می باشد (جدول 1). به منظور استخراج DNA ژنومی از برگهای جوان از کیت استخراج DNA (CoreBio) استفاده شد و با استفاده از روش های اسپکتروفوتومتری (NANODROP 1000) و ژل آگارز (1 درصد) مورد ارزیابی کمی و کیفی قرار گرفت. در این پژوهش، بعد از غربالگری اولیه، 5 ترکیب پرایمری *EcoRI* و *MseI* نشاندار شده با IRDye700 و IRDye800 به همراه آدپتورها بکار رفت (جدول 2). پروفایل PCR مورد استفاده برای تهیه سازگارسازها شامل مرحله اول 10 دقیقه °C 65، مرحله دوم 10 دقیقه °C 37 و مرحله سوم 10 دقیقه °C 25. پروفایل PCR مورد استفاده برای

زردآلو با نام علمی *Prunus armeniaca* 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 از جمله ایران کشت و کار می شود (Faust et al., 1998; Mehlenbacher et al., 1991). بیشترین سطح تولید زردآلو در نواحی مدیترانه ای متمرکز شده و ایران با 258 هزار تن بعد از ترکیه در جهان مقام دوم قرار دارد (Badenes et al., 1998; Bailey et al., 1975). با توجه به تنوع بالای موجود در ارقام و ژنوتیپ های زردآلو، شناسایی و استفاده از ژرم پلاسم های موجود در برنامه های اصلاحی زردآلو امری ضروری به شمار می آید. کاربرد نشانگرهای مولکولی در بررسی تنوع ژنتیکی اثبات شده است. اولین بررسی مولکولی تنوع ژنتیکی زردآلو به وسیله ایزوزیم ها انجام شد و از الگوی وراثت پذیری پنج مکان ژنی ایزوزیم برای شناسایی هیبریدها و توصیف کلی ژرم پلاسم استفاده گردید (Byrne et al., 1989). همچنین از الگوی بانندی AAT برای آنالیز تلاقی آلو × زردآلو استفاده شد (Pashkoulov et al., 1995). در پژوهش دیگری از 10 سیستم آنزیمی برای مطالعه ژنتیکی در 94 اکسیون زردآلوی اروپایی، شمال آمریکا و جنوب آفریقا استفاده شد (Badenes et al., 1996). در یک پژوهش با استفاده از 5 جفت آغازگر AFLP در 47 رقم متعلق به دامنه جغرافیایی وسیع، بیش از 350 باند چند شکل بدست آمد. آنالیزهای انجام

<sup>1</sup> Lednice

مرحله انتخابی شامل مرحله اول به مدت 2 دقیقه در 95 °C، مرحله دوم 10 چرخه 30 ثانیه 95 °C، 30 ثانیه 63°C، 2 دقیقه 72 °C، مرحله سوم 25 چرخه 30 ثانیه 95 °C، 30 ثانیه 54 °C، 2 دقیقه 72 °C و مرحله چهارم 2 دقیقه 72 °C (Zhaohe et al., 2007). محصولات حاصل از PCR در الکتروفورز عمودی ژل پلی آکریل آمید 6/5 درصد و با کمک دستگاه DNA Analyser 4300 (Licor) تفکیک و ارزیابی شدند. آلل های حاصل از نشانگرهای AFLP بصورت صفر و یک (یک برای مشاهده آلل و صفر در صورت عدم مشاهده آلل) امتیازدهی شدند و تعداد کل باندها و درصد چندشکلی و مقدار PIC محاسبه گردید (Tarkesh esfahani et al., 2009). به منظور گروه بندی و تفسیر روابط ژنتیکی از روش های تجزیه خوشه ای RB و UPGMA با استفاده از نرم افزار gCLUTO v. 1.0 استفاده شد. این نرم افزار گروه ها را به دو روش، تصویر ماتریکس و سه بعدی نمایش می دهد. K، فرضی مناسب بر اساس میزان پایداری (درجه ی ثبات مشاهده شده) و مقادیر بالاتر Isim (میانگین شباهت جفتی نمونه های درون یک خوشه) و مقادیر پایین تر Esim (میانگین شباهت جفتی نمونه های یک خوشه باخوشه دیگر) به دست می آید. با توجه به این که مقادیر stability و Isim محاسبه شده در روش RB بالاتر از روش UPGMA و نیز مقدار Esim محاسبه شده در روش آماري RB پایین تر از روش آماري UPGMA بوده، نتایج حاصل از روش آماري RB برای فرض K=2 تا K=10 به دست آمد (Rasmussen and

مرحله انتخابی شامل مرحله اول به مدت 2 دقیقه در 95 °C، مرحله دوم 10 چرخه 30 ثانیه 95 °C، 30 ثانیه 63°C، 2 دقیقه 72 °C، مرحله سوم 25 چرخه 30 ثانیه 95 °C، 30 ثانیه 54 °C، 2 دقیقه 72 °C و مرحله چهارم 2 دقیقه 72 °C (Zhaohe et al., 2007). محصولات حاصل از PCR در الکتروفورز عمودی ژل پلی آکریل آمید 6/5 درصد و با کمک دستگاه DNA Analyser 4300 (Licor) تفکیک و ارزیابی شدند. آلل های حاصل از نشانگرهای AFLP بصورت صفر و یک (یک برای مشاهده آلل و صفر در صورت عدم مشاهده آلل) امتیازدهی شدند و تعداد کل باندها و درصد چندشکلی و مقدار PIC محاسبه گردید (Tarkesh esfahani et al., 2009). به منظور گروه بندی و تفسیر روابط ژنتیکی از روش های تجزیه خوشه ای RB و UPGMA با استفاده از نرم افزار gCLUTO v. 1.0 استفاده شد. این نرم افزار گروه ها را به دو روش، تصویر ماتریکس و سه بعدی نمایش می دهد. K، فرضی مناسب بر اساس میزان پایداری (درجه ی ثبات مشاهده شده) و مقادیر بالاتر Isim (میانگین شباهت جفتی نمونه های درون یک خوشه) و مقادیر پایین تر Esim (میانگین شباهت جفتی نمونه های یک خوشه باخوشه دیگر) به دست می آید. با توجه به این که مقادیر stability و Isim محاسبه شده در روش RB بالاتر از روش UPGMA و نیز مقدار Esim محاسبه شده در روش آماري RB پایین تر از روش آماري UPGMA بوده، نتایج حاصل از روش آماري RB برای فرض K=2 تا K=10 به دست آمد (Rasmussen and

### نتایج و بحث

در این پژوهش، از بین 5 ترکیب نشانگر انتخابی AFLP مورد بررسی دو ترکیب M-GAG/E-TG و M-CAG/E-TG به ترتیب با بیشترین مقدار PIC (محتوای اطلاعات چندشکلی) معادل 0/772 و 0/625 و ترکیب پرایمری M-TTT/E-TG کمترین مقدار PIC معادل 0/477 را دارا بودند. همین طور ترکیب نشانگر M-GAG/E-TG بالاترین مقدار شاخص شانون (I)، 0/448 و M-CCC/ETA پایین ترین مقدار شاخص شانون به میزان 0/28 را دارا بودند و در مجموع از بین 187 آلل، 113 آلل چند شکل مشاهده گردید (جدول 3). با توجه به نتایج به دست آمده می توان نتیجه گرفت که ترکیب نشانگرهای M-GAG/E-TG و M-CAG/E-TG با بیشترین مقدار PIC بیشترین مقدار چند شکلی را نشان دادند. در نتیجه این دو ترکیب نشانگر، بهتر از سایر ترکیب های استفاده شده می توانند فاصله ژنتیکی ارقام و ژنوتیپ های زردآلو را مشخص کنند. بر اساس تجزیه خوشه ای به روش RB تمامی نمونه ها در 6 گروه مجزا قرار گرفتند.

گروه های 1 و 3 حاوی بیشترین تعداد نمونه ها و بودند (جدول 4).  
گروه های 4 و 5 حاوی کمترین تعداد نمونه ها  
جدول 1- نام ارقام و ژنوتیپ زردآلو های مورد آزمایش.

**Table 1- Name of apricot cultivars and genotypes.**

نام نمونه	منشا	نام نمونه	منشا
Sample name	origin	Sample name	origin
1 Vnuk Krasnoščokogo	USA	22 Brig x Olymp	Interspec.hybrid
2 Volšebnyj	USA × EU	23 M 52	Interspec.hybrid
3 Krásnoščokogo Nikitskij	EU	24 Churmai	USA
4 Paviot švec	EU	25 AC807	IR
5 Oranževo Krasno	USA	26 HS217	IR
6 Harcot	USA	27 HS627	IR
7 Murfatlar	EU	28 HS513	IR
8 Mai-Che Sin	CHI	29 HS607	IR
9 Lebelá	USA	30 HS919	IR
10 Leskora	USA	31 HS729	IR
11 NJA 19	USA	32 HS514	IR
12 Tilton	USA	33 HS526	IR
13 Poljus Južnyj	USA × EU	34 AC1004	IR
14 M 59	Interspec.hybrid	35 AC901	IR
15 Curtis	USA	36 Dorosht-malayer	IR
16 M 57	Interspec.hybrid	37 Collection-208	IR
17 Strepet	IR × EU	38 Collection107	IR
18 Pastyrik	CHI	39 AC407	IR
19 Hargrand	USA	40 Collection-103	IR
20 Zard	USA	41 HS527	IR
21 Sabinovská	ME	42 HS210	IR

جدول 2- توالی آداپتورها و آغازگرهای AFLP.

**Table 2- Sequences of AFLP adaptors and primers.**

آداپتور	پرایمر مرحله پیش تکثیر	پرایمر مرحله انتخابی	آنزیم
Adaptor	Preamplification primer	Selective primer	Enzyme
5'-GACGATGAGTCCTGAG-3' 3'-TACTCAGGACTCAT-5'	5'-GATGAGTCCTGAGTA-3'	5'-GATGAGTCCTGAGTAA-CAG-3' 5'-GATGAGTCCTGAGTAA-GAG-3' 5'-GATGAGTCCTGAGTAA-TTT-3' 5'-GATGAGTCCTGAGTAA-CCC-3'	Mse I
5'-CTCGTAGACTGCGTACC-3' 3'-CATCTGACGCATGGTTAA-5'	5'-GACTGCGTACCATT-3'	5'-GACTGCGTACCAATTC-TG-3' 5'-GACTGCGTACCAATTC-TC-3' 5'-GACTGCGTACCAATTC-TA-3'	EcoRI

جمع آوری شده از اروپا، شمال آفریقا و آمریکا، ترکیه، ایران و چین انجام شد، محققان گزارش کردند که منشا جغرافیایی ارقام، معیاری جهت تعیین گروه بندی آنها به شمار می رود (Hagen *et al.*, 2002). به طور کلی، این پژوهش نیاز به بررسی همزمان ارقام و ژنوتیپ های زردآلو موجود در کلکسیون های ایران و اروپا، که در برگیرنده سطوح بالا تنوع ژنتیکی هستند را جهت شناسایی و بررسی گروه های جغرافیایی موجود در این گونه به خوبی نشان می دهد. قابل ذکر است در این پژوهش، استفاده از تکنولوژی جدید AFLP نشاندار با فلورسنت و به کمک دستگاه Licor، با توجه به وجود مزایایی نظیر عدم نیاز به رنگ آمیزی، سرعت بالا، حساسیت زیاد در نمایان سازی باندها و تعداد و وضوح بالای باندها، نسبت به روش متداول AFLP برتری دارد. همچنین، با توجه به افزایش تعداد باند چند شکل در این روش، به منظور انجام مطالعات تنوع ژنتیکی، می توان از تعداد آغازگر کمتری استفاده کرد. در نهایت استفاده از نشانگرهای AFLP به دلیل اهمیت کاربردشان (چندشکلی، کارایی و قابلیت اطمینان بالا) نسبت به سایر نشانگرها به منظور بررسی دقیق تر روابط و ساختار ژنتیکی ارقام و ژنوتیپ های زردآلو، همزمان با به کارگیری خصوصیات مورفولوژیکی پیشنهاد می شود.

همین طور با در نظر گرفتن فواصل قله ها از یکدیگر، گروه 4 دارای بیشترین فاصله نسبت به سایر گروه ها بود (شکل 1). بر اساس نتایج به دست آمده، گروه بندی نسبتاً دقیقی از نظر تفاوت توزیع جغرافیایی نمونه ها مشاهده گردید. البته در مواردی نمونه های اروپایی و ایرانی در یک گروه مشترک قرار گرفتند. به عنوان مثال، گروه های 2 و 5 نزدیک به هم و کاملاً از ارقام و ژنوتیپ های اروپایی تشکیل شده است. گروه های 1 و 2 کاملاً از ارقام و ژنوتیپ های ایرانی تشکیل شده است. گروه 5 شامل یک ژنوتیپ ایرانی و یک رقم اروپایی (IR × EU) و گروه 4 شامل دو رقم اروپایی و یک ژنوتیپ ایرانی می باشد (شکل 2). قرار گرفتن نمونه های اروپایی با ایرانی ممکن است به این دلیل باشد که زردآلوهایی که در یک منطقه جغرافیایی وجود دارند در اصل از مکان دیگری منشا گرفته و تحت نام جدیدی در مقصد کشت شده باشند. نتایج به دست آمده از تجزیه های آماری به روش های مختلف نسبتاً مشابه بوده و به نظر می رسد که دسته بندی ژنوتیپ ها مستقل از منشا جغرافیایی شان نبوده است. در پژوهشی مشابه، بررسی ساختار ژنتیکی ارقام زردآلو چین که با استفاده از AFLP نشاندار شده با فلورسنت انجام شده بود نشان داد که قرابت ژنتیکی مشاهده شده در جمعیت های مورد بررسی با منشا جغرافیایی جمعیت ها مطابقت دارند (Zhaohe *et al.*, 2007). همین طور، در مطالعه دیگری که با استفاده از نشانگرهای AFLP بر روی ژنوتیپ های زردآلو

جدول 3- ساختار پرایمرهای AFLP، تعداد کل باندها، تعداد کل باندهای پلی مورف، درصد پلی مورفیسم، شاخص های PIC، MI و I.

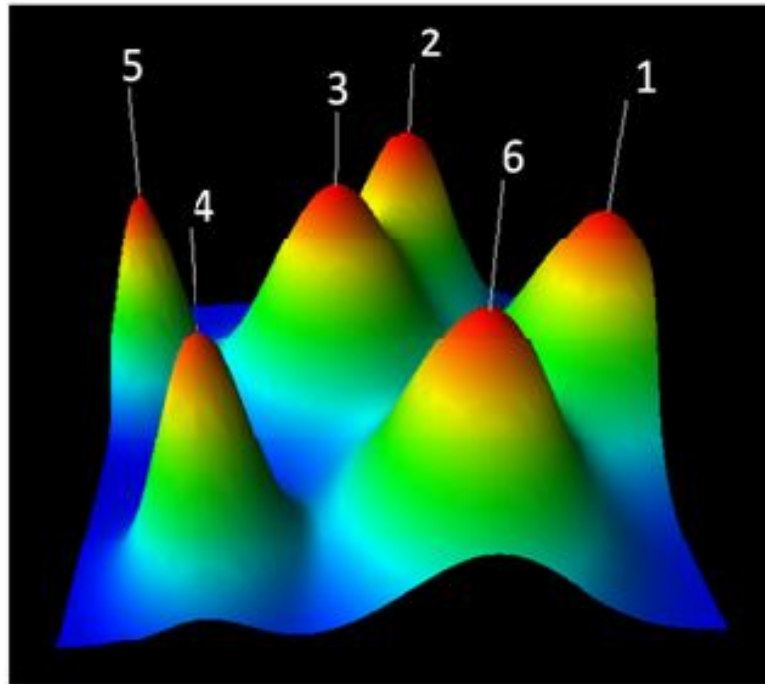
Table 3- AFLP primer combination, Total bands, Total polymorphic bands, polymorphism percentage, PIC, MI and I indices.

ترکیب پرایمرها Primer combination	تعداد کل باندها Total bands	تعداد کل باندهای پلی مورفیسم Total polymorphism bands	درصد پلی مورفیسم Polymorphism (%)	محتوای اطلاعات چند شکلی PIC	شاخص نشانگر MI	شاخص اطلاعاتی شانون I
M-CAG E-TG	44	26	59.1	0.625	36.9375	0.439
M-GAG E-TC	45	28	62.3	0.609	37.9407	0.334
M-CCC E-TA	46	29	63.1	0.601	37.9231	0.289
M-GAG E-TG	39	23	59	0.772	45.548	0.448
M-TTT E-TG	13	7	53.9	0.477	25.7103	0.369
میانگین Average	49.2	22.6	59.48	0.617	36.812	0.376

جدول 4- تجزیه خوشه ای حاصل از روش RB در 42 نمونه از ارقام و ژنوتیپ های زردآلو با استفاده از نشانگرهای AFLP.

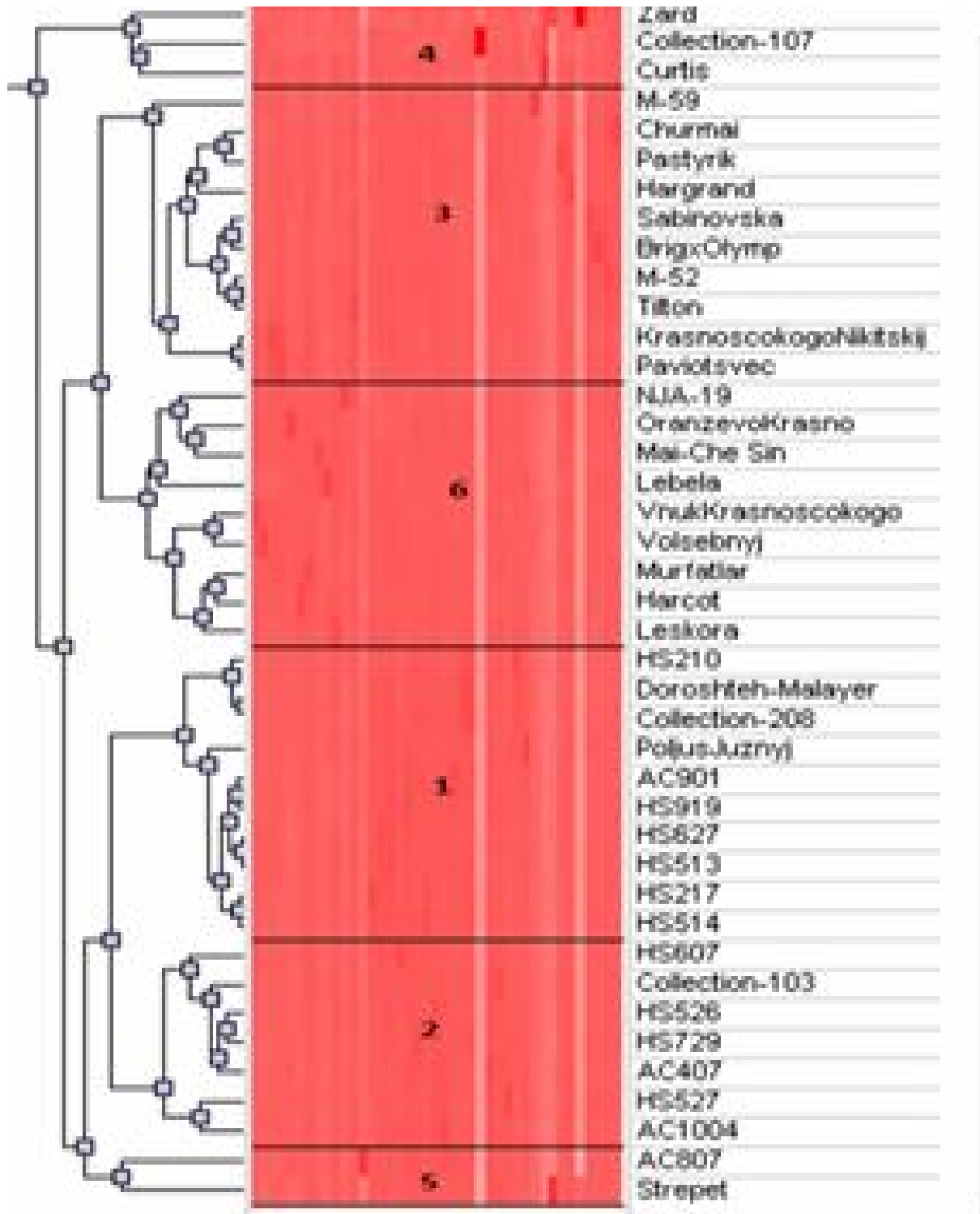
Table 4- RB cluster analysis of 42 apricot cultivars and genotypes using AFLP markers.

تعداد خوشه ها Cluster	تعداد نمونه های داخل هر خوشه Size	متوسط شباهت های داخلی Isim	متوسط شباهت های انحراف استاندارد داخلی Isdev	متوسط شباهت های خارجی Esim	متوسط شباهت های انحراف استاندارد خارجی Esdev	میزان پایداری Stability
1	10	1.000	0.000	0.998	0.000	0.989
2	7	1.000	0.000	0.998	0.000	0.106
3	10	1.000	0.000	0.998	0.000	0.777
4	3	0.994	0.001	0.990	0.005	0.510
5	2	0.996	0.000	0.996	0.001	0.430
6	9	0.999	0.000	0.998	0.000	0.417



شکل 1- گروهبندی 42 نمونه از ارقام و ژنوتیپ های زردآلو با استفاده از تصویر سه بعدی نرم افزار gCLUTO V. 1.0

**Figure 1- Classification of 42 apricot cultivars and genotypes using 3D visualization of gCLUTO v. 1.0.**



شکل 2- گروه بندی 42 نمونه از ارقام و ژنوتیپ های زردآلو با استفاده از تصویر ماتریکس نرم افزار .gCLUTO v. 1.0

Figure 1- Classification of 42 apricot cultivars and genotypes using matrix visualization of gCLUTO v. 1.0.



- Badenes ML, Martínez-Calvo J, Llàcer G (1998). Analysis of apricot germplasm from the European ecogeographical group. *Euphytica* 102: 93-99.
- Bailey CH, Hough LF (1975). Apricots. In: Janick, J, Moore JN (eds), *Advances in Fruit Breeding*. Purdue University Press. Indiana. pp. 367-386.
- Byrne DH, Littleton TG (1989). Characterization of isozyme variability in apricots. *Journal of the American Society for Horticulture Science* 114: 674-678.
- Faust M, Surányi D, Nyujtó F (1998). Origin and dissemination of apricot. *Horticultural Review* 22:225-266.
- Hagen LS, Khadari B, Lambert P, Audergon JM (2002). Genetic diversity in apricot revealed by AFLP markers: species and cultivar comparisons. *Theoretical and Applied Genetics* 105:298-305.
- Mehlenbacher SA, Cociu V, Hough LF (1991). Apricots (*Prunus*). In: Moore, J.N., J.R. Ballington (eds) *Genetic Resources of Temperate Fruit and Nut Crops*. International Society for Horticultural Science 65-107.
- Pashkoulov D, Givondov A, Yliev P (1995). Isozyme variability in plum (*Prunus- domestica*), and its use for cultivar and interspecific hybrid identification. *Biotechnology & Biotechnological Equipment* 9:33-35.
- Rasmussen M, Karypis G (2004). gCLUTO- an interactive clustering, visualization, and analysis system. CSE/LIMN Technical Report no. TR 04-021.
- Sharifi Tehrani M, Mardi M, Sahebi J, Catalan, P, Diaz-Perez A (2009). Genetic diversity and structure among Iranian tall fescue populations based on genomic-SSR and EST-SSR marker analysis. *Plant System and Evolution* 282:57-70.
- Tarkesh Esfahani S, Shiran B, Balali G (2009). AFLP markers for the assessment of genetic diversity in european and North American potato varieties cultivated in Iran. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 9: 75-86.
- Zhaohe Y, Xuesen C, Tianming H, Jianrong F, Tao F, Chunyu Z (2007). Population Genetic Structure in Apricot (*Prunus armeniaca* L.) cultivars revealed by Fluorescent-AFLP markers in southern Xinjiang, China. *Journal of Genetics and Genomics* 34:1037-1047.

## Study of genetic diversity and eco-geographic groups in some apricot cultivars and genotypes using fluorescent-AFLP markers

Majidian P.<sup>1</sup>, Zeinalabedini M.<sup>1\*</sup>, Dejampour J.<sup>3</sup>, Najafi H.<sup>4</sup>, Mardi M.<sup>5</sup> Dabbab M.<sup>6</sup>, Farsi M.<sup>6</sup>

<sup>1</sup>MSc student, Department of agronomy and plant breeding, faculty of agriculture and natural resources of Sari.

<sup>2</sup>Assistant Professor, Department of Genomics, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Karaj, Iran.

<sup>3</sup>Assistant Professor, Agriculture Research Center of East-Azerbaijan, Tabriz, Iran.

<sup>4</sup>Assistant Professor, Department of agronomy and plant breeding, faculty of agriculture and natural resources of Sari.

<sup>5</sup>Associated Professor, Department of Genomics, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Karaj, Iran.

<sup>6</sup>MSc student, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Karaj, Iran.

### Abstract

Apricot (*Prunus armenica* L.), a fruit species of the family Rosaceae, genus *Prunus* 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. Genetic diversity of 42 apricot cultivars and genotypes collected from new Iranian and Czech Republic collections was studied using fluorescent-AFLP markers. The objectives of this study were to determine the genetic structure and genotypic diversity among different eco-geographical populations. The results showed that five pairs of fluorescent-AFLP primers showed clear banding patterns and high level of polymorphism amongst the 30 pairs of primers screened. The total bands were 187 and MGAG ETG primer showed 63% polymorphism among primers that was the highest quantity of polymorphism. Based on the application of genotypes from breeding programs, Hybridization and selection, there were not appropriate results from UPGMA method. We used RB method to analyze the relationship among samples. Six groups of cultivars and genotypes were detected based on their origin and geographical distribution. Our findings showed that in comparison with traditional AFLP, fluorescent-AFLP markers are more efficient in evaluating genetic diversity and population structure among studied apricot genotypes and could be useful in other *Prunus* fruit tree species.

**Key Words:** *Apricot, fluorescent AFLP-markers, polymorphism, genetic diversity.*

---

\* Corresponding Author: Zeinalabedini M.

Tel: 02612703536

Email: mzeinolabedini@abrii.ac.ir.