تاریخ چاپ: پاییز ۱۳۹۱

تجزیه و تحلیل خصوصیات سیتوژنتیك در گیاه دارویی رازیانه[۱]

*لیلی صفایی، زهرا جابرالانصار، حسین زینلی:
مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اصفهان

چکیده

این پژوهش به‌منظور بررسی وضعیت سیتوژنتیکی ۱۱ جمعیت رازیانه با استفاده از سلول‌های مریستمی انتهای ریشه انجام شد. نتایج نشان داد که تعداد کروموزوم پایه در جمعیت‌های بررسی شده x=۱۱ بود. بر اساس جدول دو طرفه استبینز[۲]، جمعیت‌های شمارهٔ ٤، ۸ و ۱۰ در گروه 1A، جمعیت‌های ٥، ٦، ۷ ، ۹ و ۱۱ در گروه 2A، جمعیت شمارهٔ ۱ در گروه 1B و جمعیت‌های ۲ و ۳ در گروه 2B قرار گرفتند و دو جمعیت ۲ و ۳ نامتقارن‌ترین و متکامل‌ترین جمعیت‌ها بودند. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو مؤلفهٔ اول در مجموع ۷۰/٦۳ درصد از کل واریانس موجود بین جمعیت‌ها را توجیه می‌کند. در مؤلفهٔ اول صفات میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند، درصد کلی فرم، شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی و میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه با داشتن بالاترین ضرایب بردارهای ویژه دارای بیش‌ترین اهمیت در واریانس بین جمعیت‌ها بودند. در مؤلفهٔ دوم صفات نسبت طول بزرگ‌ترین کروموزوم به کوچک‌ترین، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی و طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم بیش‌ترین نقش را در ایجاد تنوع داشتند. تجزیهٔ خوشه‌ای به روش وارد[۳] که با برش نمودار خوشه‌ای در فاصلهٔ اقلیدسی ۴ انجام شد جمعیت‌های بررسی شده را در ۳ گروه مختلف قرار داد. در این بررسی بیش‌ترین فاصلهٔ ژنتیکی بین جمعیت شمارهٔ ۱ و ۷ وجود داشت که بیان‌گر کم‌ترین قرابت آن‌ها بود. کم‌ترین فاصله ژنتیکی نیز بین جمعیت‌های ٤ و ۷ مشاهده شد. نمودار حاصل از پراکنش جمعیت‌ها بر اساس دو مؤلفه اصلی اول و دوم، جمعیت‌های بررسی شده را در ۳ گروه متمایز قرار داد که این امر نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای را تأیید کرد.

مقدمه

رازیانه گیاهی علفی، چند ساله و متعلق به خانوادهٔ چتریان[٤] است که منشأ آن نواحی مدیترانه و جنوب اروپا گزارش شده است [۱]. این گیاه دارای ریشهٔ غده‌ای، مستقیم به‌رنگ سفید مات و ساقه‌ای استوانه‌ای به‌رنگ سبز روشن است که ارتفاع آن ۱/٥ تا ۲/٥ متر است. برگ‌ها به‌رنگ سبز تیره، متناوب، ظریف و دارای بریدگی‌های کم و بیش عمیق هستند. گل‌های کوچک و زردرنگ آن در انتهای ساقه‌های اصلی و فرعی و به‌صورت مجتمع

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای ، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، کاریوتیپ، رازیانه
دریافت ۸۹/۹/۲۱ پذیرش۹۰/۱۰/۱٤
*نویسنده مسئول safaii2000@yahoo.com

۱. *Foeniculum vulgare* Mill. ۲. Stebbins ۳.Ward ٤. Apiaceae

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

در چتر مرکب قرار می گیرند. میوهٔ رازیانه دوکی شکل با دو انتهای باریک و رنگ آن سبز یا قهوه‌ای روشن است [۲]. اسانس این گیاه به‌طور وسیعی در صنایع داروسازی، غذایی، آرایشی و بهداشتی کاربرد دارد. داشتن اطلاعات کافی در مورد ویژگی‌های کاریوتیپی و سیتولوژیکی هر گیاه از جمله نیازهای اولیه آن است. امروزه در پژوهش‌های گیاه‌شناسی علاوه بر بررسی‌های مورفولوژیک، به بررسی خصوصیات سلولی از قبیل تعداد و شکل کروموزوم‌ها و ویژگی‌های پروتیینی و آنزیمی پرداخته می‌شود. استفاده از وضعیت کروموزوم‌ها به‌منظور طبقه‌بندی گیاهان و کمک به حل مسائل و معضلات آن کاربرد وسیعی یافته است. کروموزوم‌ها تنها عوامل مناسبی هستند که می‌توان به‌وسیلهٔ آن‌ها به‌نحوهٔ روند تکامل پی برد [۳]. به کمک اطلاعات کروموزومی امکان مقایسهٔ گونه‌ها و جمعیت‌های آن‌ها فراهم می‌شود. جمعیت‌های متعلق به یک گونه هر یک با محیطی که در آن می‌رویند سازش ژنومی نشان می‌دهند. با افزایش اختلاف‌های سازشی ممکن است واریته‌های جدید و حتی گونه‌های جدید در جوامع گیاهی به‌وجود آیند [٤]. معود[۱] و پاملا[۲] [٥] تعداد کروموزوم‌های پایه در گیاه رازیانه را 2n=22 گزارش کرده‌اند. تحقیقات زهری[۳] و هیوود[٤] [٦]، شان موگاولو[٥] و همکاران [۷]، دنگ[٦] و همکاران [۸] و صفایی و همکاران [۹] نیز نتایج مشابهی داشته است. داتا[۷] و ریتا[۸] [۱۰] کاریوتیپ و رفتار کروموزومی چند گونه از خانواده چتریان را بررسی کرده‌اند. نتایج آن‌ها حاکی از این بود که حضور کروموزوم‌های متاسنتریك[۹] در جنس رازیانه[۱۰] متداول است. هم‌چنین طول کل کروماتین هاپلوییدی، نسبت بازوهای کوتاه در طول کل کروماتین و نسبت کوتاه‌ترین کروموزوم به بلندترین کروموزوم را برای این گیاه به‌ترتیب برابر با ۲/۷±۲۹/۱۲ میکرون، ۳۹/۹٦ و ٦٥/٥۹ درصد برآورد کردند. شیدایی[۱۱] و همکاران [۱۱]، ۱۳ جمعیت رازیانه را بر اساس تقسیمات میوز دانه گرده مقایسه کردند و ضمن اعلام تعداد کروموزوم پایه ۲n =۲x=۲۲، حالات بی والانت[۱۲] و کوآدراوالانت[۱۳] را در آن‌ها مشاهده کردند. سیتارمن[۱۴] [۱۲] ضمن بررسی ۲٥ گونه از خانواده چتریان، کروموزوم‌های این خانواده را کوچک و طول آن‌ها را بین ۰/۸ تا ٦/۹ میکرومتر گزارش کرد. این پژوهش به‌منظور بررسی خصوصیات سیتوژنتیك و وضعیت کروموزومی یازده جمعیت رازیانه طرح‌ریزی شد.

مواد و روش‌ها

به‌منظور بررسی وضعیت سیتوژنتیکی گیاه دارویی رازیانه، ۹ جمعیت بومی این گیاه از نقاط مختلف کشور جمع‌آوری و به‌همراه دو رقم خارجی ارزیابی شدند (جدول ۱).

به‌منظور بررسی کروموزوم‌های متافازی سلول‌های مریستمی نوك ریشه، از روش رنگ‌آمیزی استو-آهن هماتوکسیلین[۱٥] [۱۲] استفاده شد. به‌همین منظور در مرحلهٔ اول بذرهای پس از ضدعفونی با محلول ویتاواکس[۱٦] دو

۱. Maude ۲. Pamela ۳. Zohary ۴. Heywood ٥. Shanmugavelu ٦. Deng
۷. Datta ۸. Rita ۹. Meta centric ۱۰. *Foeniculum vulgare* Mill. ۱۱. Sheidaii
۱۲. Bivalent ۱۳. Quadrivalent ۱۴. Seetharaman ۱٥. Aceto-iron haematoxylin
۱٦. Vitavax

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

جدول ۱. جمعیت‌های بررسی شده و محل جمع‌آوری آن‌ها

شمارهٔ جمعیت	محل تهیه
۱	کاشته شده در کلکسیون گیاهان دارویی ایستگاه تحقیقاتی شهید فزوه نجف‌آباد تحت عنوان رازیانه اصفهان
۲	مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی همدان (نمونه زراعی همدان)
۳	مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی بوشهر(نمونه زراعی بوشهر)
٤	مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی خرم‌آباد (نمونه زراعی لرستان)
٥	مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی یزد (نمونه زراعی یزد)
٦	مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی شیراز (نمونه زراعی شیراز)
۷	کاشته شده در کلکسیون گیاهان دارویی ایستگاه تحقیقاتی شهید فزوه نجف‌آباد تحت عنوان رازیانه نجف آباد
۸	مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی ارومیه (نمونه زراعی ارومیه)
۹	بانک ژن ایستگاه تحقیقاتی شهید فزوه نجف‌آباد اصفهان
۱۰	دفتر گل و گیاهان زینتی، قارچهای خوراکی و گیاهان دارویی تهران (P11/820065 آلمانی)
۱۱	دفتر گل و گیاهان زینتی، قارچهای خوراکی و گیاهان دارویی تهران (۱۱٤۸٦ اروپایی)

در هزار به‌مدت ۱۵ دقیقه، روی کاغذ صافی مرطوب و در ظروف پتری کاشته شدند و در دمای ۲۵ درجهٔ سانتی‌گراد و تاریکی مطلق نگه‌داری شدند. پس از جوانه‌زنی و رشد ریشه‌چه به طول ۱ تا ۱/۵ سانتی‌متر، قسمت انتهایی ریشه‌چهٔ آن‌ها جدا شد و سپس به‌ترتیب مراحل پیش تیمار (۰/۵% محلول اشباع شدهٔ آلفا برومونفتالین[۱] به‌مدت ۵ ساعت)، تثبیت (محلول لویتسکی[۲] مرکب از محلول اسید کرومیک[۳] یک درصد و فرمالدییید[٤] ده درصد به نسبت یک به یک با زمان ۳٦ ساعت)، شستشو، نگه‌داری (الکل ۷۰ درصد به مدت ۱ هفته در دمای دو تا سه درجهٔ سانتی‌گراد)، هیدرولیز(محلول هیدروکسید سدیم یك نرمال با زمان ۱۲ دقیقه) و رنگ‌آمیزی (مخلوط ٤ گرم پودر هماتوکسیلین، ۱۰۰ میلی‌لیتر اسید استیك ٤٥ درصد و یك گرم آمونیم سولفات) روی نمونه‌ها انجام شد. در مرحلهٔ پایانی اسلاید به روش اسکواش تهیه گردید. سپس از متافازهای مناسب با بزرگ‌نمایی ۱۰۰ میکروسکوپ عکس تهیه شد. عکس‌های با وضوح مناسب و پراکنش بالا (برای هر ژنوتیپ ۳ نمونه) انتخاب و پس ازجدا کردن کروموزوم‌ها، کروموزوم‌های همولوگ در کنار هم قرار گرفت و کاریوتیپ آن‌ها تهیه شد. صفات طول بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین کروموزوم، میانگین طول کروموزوم‌ها، نسبت طول بزرگ‌ترین به کوچک‌ترین کروموزوم، میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه، میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند و تقارن کاریوتیپی در هر کاریوتیپ محاسبه شد. در این بررسی برای تعیین وضعیت تکاملی و مطالعه تقارن کاریوتیپی جمعیت‌های بررسی شده از جدول دو طرفه استبینزاستفاده شد [۱۳] و کمیت‌های، اختلاف دامنهٔ طول نسبی کروموزوم‌ها (اختلاف بین حداقل و حداکثر طول نسبی کروموزوم‌ها =DRL[٥])، طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم [۱۰۰×(مجموع طول کل کروموزوم‌ها / طول کوتاه‌ترین کروموزوم =S%[٦])، شاخص نامتقارن

۱. Alpha-bromo naftalin ۲. Levitsky ۳. Chromic acid ٤. formaldehyde

٥. Difference between the maximum and minimum relative length of the chromosomes

٦. relative length of the shortest chromosome

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

بودن بین کروموزومی یا ضریب تغییرات (A_2=cv[1]) [۱٤] و درصد شکل کلی [۱۰۰×(مجموع طول کلی کروموزوم‌ها/مجموع طول بازوهای کوتاه=%TF[3])] [۱۵] محاسبه شد. برای اندازه‌گیری شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A_1) از فرمول زیر استفاده شد:

$$A_1 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^{n}(arm - ratio)}{n}$$

برای تعیین نوع کروموزوم‌ها از روش لوان[4] استفاده شد [۱٦]. برای تعیین نقش هر یك از صفات اندازه‌گیری شده در ایجاد تنوع بین جمعیت‌ها از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و برای گروه‌بندی جمعیت‌ها از تجزیهٔ خوشه‌ای به‌روش وارد[5] و با استفاده از نرم افزار SPSS version 11.5 استفاده شد.

نتایج و بحث

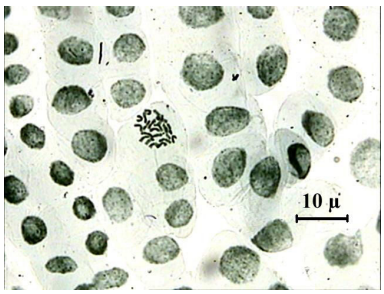
تصاویر متافاز میتوزی جمعیت‌های بررسی شده به‌همراه کاریوتیپ منظم شده آن‌ها در شکل ۱ و نتایج حاصل از تجزیهٔ کاریوتیپی در جدول ۱ نشان داده شده است. بر اساس جدول ۱، همهٔ جمعیت‌های بررسی شده دیپلویید با عدد پایه کروموزومی X=۱۱ بودند. عدد پایه کروموزومی به‌دست آمده در این تحقیق با نتایج تحقیقات معود و پاملا [٥]، زهری و هیوود [٦]، شان موگاولو و همکاران [۷]، دنگ و همکاران [۸]، صفایی و همکاران [۹] و شیدایی و همکاران [۱۱] مطابقت دارد. فرمول کاریوتیپی جمعیت‌های بررسی شده نشان داد که بیش‌تر کروموزوم‌های رازیانه متاسنتریك و ساب‌متاسنتریك[6] هستند و فقط یکی از جمعیت‌ها (شمارهٔ ۷) دارای کروموزوم ساب‌تلوسنتریك[7] بود. تحقیقات داتا و ریتا [۱۰] و صفایی و همکاران [۹] نیز حاکی از متداول بودن حضور کروموزوم‌های متاسنتریك در جنس رازیانه است. در این تحقیق اندازه کروموزوم‌ها کوچك و از ۱/۱ تا ٥/٥ میکرون متغیر بود. سیتارمن [۱۲] نیز کروموزوم‌های خانواده چتریان را کوچک و طول آن‌ها را بین ۰/۸ تا ٦/۹ میکرومتر گزارش کرده است.

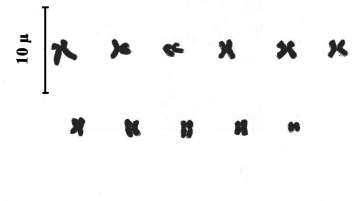
طبق جدول ۱، دو جمعیت شمارهٔ ٥ و ٦ دارای بیش‌ترین مقدار شاخص عدم تقارن درون کروموزومی[3] است و در جدول دوطرفه استبینز به‌همراه جمعیت‌های شمارهٔ ۹، ۱۱ و ۷ در کلاس 2A قرار گرفتند. جمعیت‌های شمارهٔ ۱۰، ۸ و ٤ در کلاس 1A، جمعیت شمارهٔ ۱ در کلاس 1B و دو جمعیت ۲ و ۳ کلاس 2B را به خود اختصاص دادند. جمعیت شمارهٔ ۱ از نظر پارامتر اختلاف دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها[8] (به‌عنوان شاخص‌های عدم تقارن بین کروموزومی) بیش‌ترین مقدار را دارا بود. از آن‌جا که جمعیت‌هایی با دامنهٔ طول نسبی کروموزومی بالا، تقارن کم‌تری دارند، لذا استقرار این ژنوتیپ به‌تنهایی در کلاس B به‌همین علت می‌تواند باشد.

۱. Coefficient of variability ۲. inter chromosomal asymmetry index ۳. Total form percentage
۴. Levan ٥. Ward ٦. Submetacentric ۷. Subtelocentric ۸. DRL

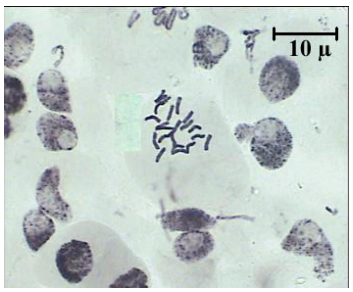
[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

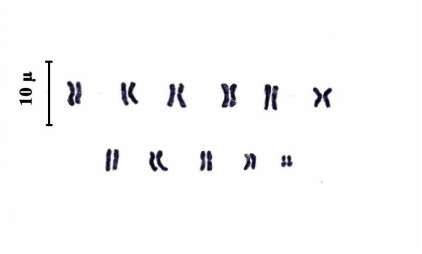
جمعیت شمارهٔ ۸ با داشتن بیش‌ترین درصد شکل کلی[۱] (۴۵/۷۹) و کم‌ترین مقدار شاخص عدم تقارن درون کروموزومی (۰/۱۴۴) متقارن ترین کاریوتیپ و جمعیت شمارهٔ ۵ با داشتن کم‌ترین مقدار درصد شکل کلی (۳۹/۱۳) و بیش‌ترین مقدار شاخص عدم تقارن درون کروموزومی (۰/۳۴۱) به‌عنوان نامتقارن‌ترین کاریوتیپ و در عین حال متکامل‌ترین کاریوتیپ (از لحاظ شاخص درون کروموزومی) شناخته شد [۱۷].



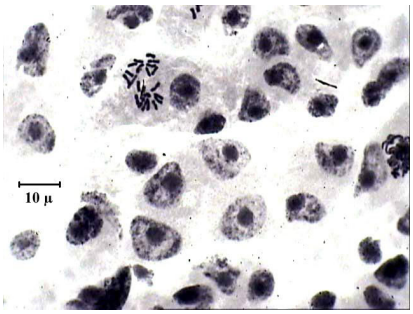


جمعیت ۱

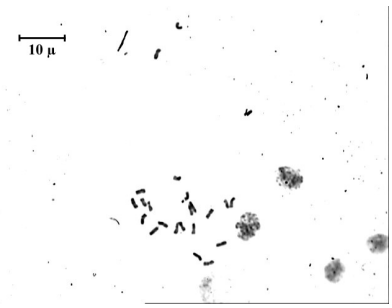


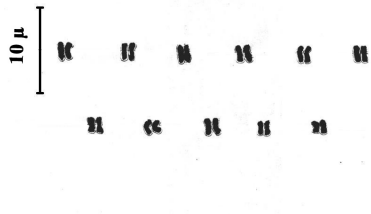


جمعیت ۲



جمعیت ۳

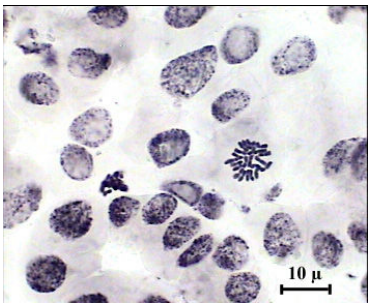


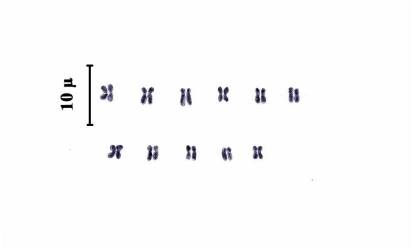


جمعیت ۴

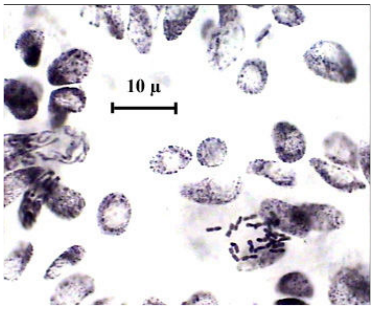
۱. %TF

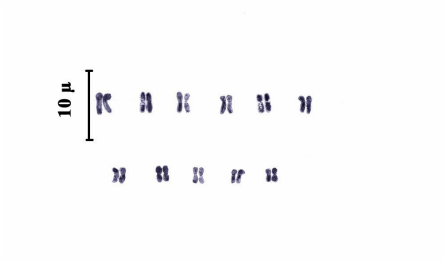
[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]



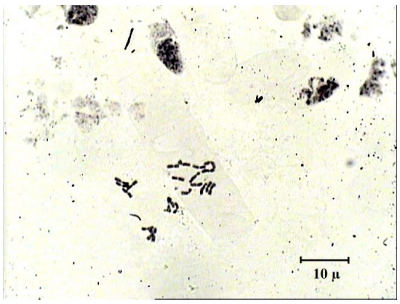


جمعیت ۵

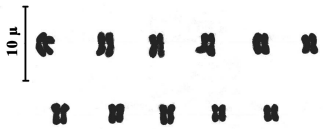




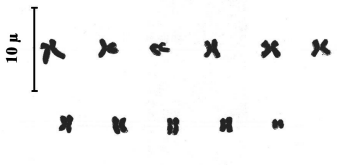
جمعیت ۶



جمعیت ۷

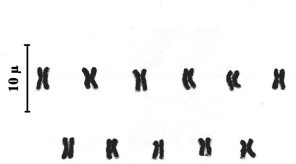


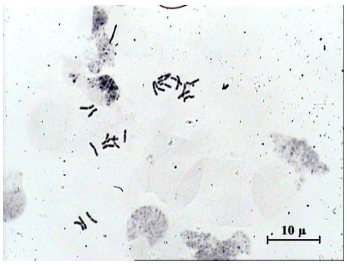
جمعیت ۸



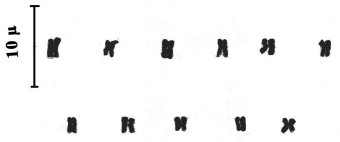
[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

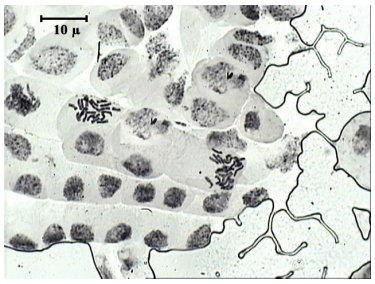
جمعیت ۹





جمعیت ۱۰





جمعیت ۱۱

شکل۱. نمایش صفحه متافازی (بزرگ‌نمایی x ۱۰۰) و کاریوگرام جمعیت‌های رازیانه بررسی شده

جدول ۱. مقایسه صفات کاریوتیپی جمعیت‌های رازیانه بررسی شده

شمارهٔ جمعیت	تعداد کروموزوم	طول بزرگ‌ترین کروموزوم (میکرون)	طول کوچک‌ترین کروموزوم (میکرون)	نسبت طول بزرگ‌ترین به کوچک‌ترین کروموزوم	فرمول کاریوتیپی	میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه
۱	**۲۲**	۳/۵	۱/۱	۳	m۱۱	۱/۳
۲	۲۲	۴/۱	۱/۷	۲/۳۳	sm۱m+۱۰	۱/۲۴
۳	۲۲	۲/۹	۱/۴	۲	sm۲m+۹	۱/۱۴
۴	۲۲	۲/۳	۱/۷	۱/۳۳	m۱۱	۱/۳۵
۵	۲۲	۲/۹	۲	۱/۴۲	sm۲m+۹	۱/۵۵
۶	۲۲	۳/۲	۲	۱/۵۷	sm٤m+۷	۱/۵۷
۷	۲۲	۳/۲	۲/۳	۱/۳۷	st۱sm+۱m+۹	۱/٤۱
۸	۲۲	۳/۸	۲/۳	۱/۶۲	m۱۱	۱/۱۸
۹	۲۲	۵/۵	۳/۵	۱/۵۸	sm۱m+۱۰	۱/۳۷
۱۰	۲۲	۳/۵	۲/۹	۱/۲	sm۱m+۱۰	۱/۲۲
۱۱	۲۲	۲/۶	۱/۷	۱/۵	sm۳m+۸	۱/۴۱

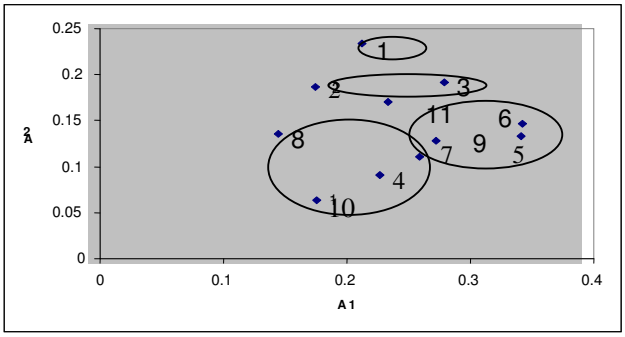
ادامهٔ جدول ۱

میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند	میانگین طول کروموزوم‌ها (میکرون)	%TF	%S	دامنه طول نسبی	A1	A2
۰/۷۶	۲/٤	٤۳/٤۷	۳۳/۳۳	۱۳/۰٤- ٤/۳٤	۰/۲۱۲	۰/۲۳٤
۰/۸	۳/۵	٤٤/۵۳	٤۲/۵۸	٤/٦۸-۱۰/۹۳	۰/۱۷٤	۰/۱۸۷
۰/۷	۲	٤۱/۵۵	٦۲/۵۰	۱۲/۹۸-٦/٤۹	۰/۲۷۹	۰/۱۹۱
۰/۷	۲/۱	٤۱/۹۷	۷۵	۹/۸۷-۷/٤	۰/۲۲۷	۰/۹۱۵
۰/٦٤	۲/٤	۳۹/۱۳	۷۰	۱۰/۸٦-۷/٦	۰/۳٤۱	۰/۱۳۳
۰/٦	۲/۶	۳۹/۷۷	٦۳/٦۳	۱۱/۲۲-۷/۱٤	۰/۳٤۲	۰/۱٤۵
۰/۷	۲/٦	٤۱/٤۱	۷۲/۷۲	۱۱/۱۱-۸/۰۸	۰/۲۵۹	۰/۱۱۱
۰/۸٤	۳/۱	٤۵/۷۹	٦۱/۵۳	۱۰/۹۲-٦/۷۲	۰/۱٤٤	۰/۱۳۵
۰/۷۲	۴/۲	٤۲/۱۳	٦۳/۱۵	۱۱/۹٤-۷/۵٤	۰/۲۷۲	۰/۱۲٦
۰/۸۱	۳/۲	٤۵	۸۳	۱۰-۸/۳۳	۰/۱۷۵	۰/٦٤۲
۰/۷	۲/۱	٤۱/۳۵	٦٦/٦٦	۱۱/۱۱-۷/٤	۰/۲٤۵	۰/۱٦۳

m: متاسنتریک، sm: ساب‌متاسنتریک، st: ساب‌تلوسنتریک، TF%: درصد شکل کلی، S%: طول نسبی کوتاه ترین کروموزوم، A1: شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی، A2: شاخص نامتقارن بودن بین کروموزمی

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

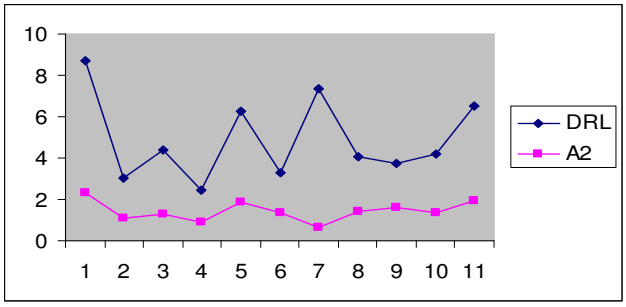
نمودار حاصل از پراکنش جمعیت‌ها بر اساس دو پارامتر شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی و شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی[1] وضعیت تقارن و تکامل کاریوتیپ جمعیت‌های مختلف را نشان می‌دهد (شکل ۲).



شکل ۲. نمودار پراکنش جمعیت‌ها بر اساس دو پارامتر A1 و A2

چنان‌که مشاهده می‌شود جمعیت‌های بررسی شده از لحاظ تکامل کاریوتیپی در ٤ گروه کاملاً مجزا از یك‌دیگر قرار می‌گیرند. به‌طوری‌که جمعیت‌های شمارهٔ ٤، ٨ و ١٠ در گروه اول، جمعیت شمارهٔ ١ در گروه دوم، جمعیت‌های ٥، ٦،٧، ٩ و ١١ در گروه سوم و جمعیت‌های ٢ و ٣ در گروه چهارم قرار گرفته‌اند. جمعیت شمارهٔ ١ با دارا بودن بیش‌ترین مقدار شاخص نامتقارن بودن بین کروموزمی و کم‌ترین تقارن بین کروموزومی از لحاظ تکامل در گروه ١B و جمعیت‌های شمارهٔ ٥ و ٦ با دارا بودن بیش‌ترین مقدار شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی و کم‌ترین تقارن درون کروموزومی از نظر تکامل در گروه ٢A قرار گرفته است. از نظر اختلاف درصد طول نسبی بزرگ‌ترین و کوچك‌ترین کروموزوم ، بیش‌ترین مقدار این پارامتر به جمعیت شمارهٔ ١ (٨/٧ میکرومتر) و کم‌ترین مقدار آن به جمعیت شمارهٔ ٤ (٢/٤٧ میکرومتر) تعلق داشت.

همچنین روند تغییرات دو پارامتر اختلاف دامنهٔ طول نسبی کروموزوم‌ها و شاخص نامتقارن بودن بین کروموزمی (به‌عنوان پارامترهای نامتقارن بودن بین کروموزومی) در جمعیت‌های بررسی شده، مقایسه شد (شکل ٣).



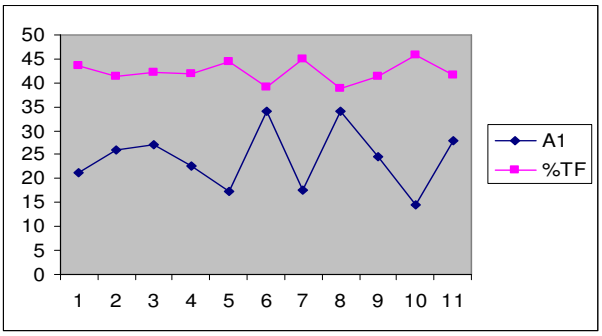
شکل ٣. مقایسه روند تغییرات دو پارامتر DRL و A2

این مقایسه رابطهٔ مثبتی را بین این دو پارامتر نشان داد. اندازه‌گیری یکی از دو پارامتر ذکر شده برای تعیین تغییرات بین کروموزومی کفایت می‌کند.

١. A_2

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

روند تغییرات دو پارامتر درصد شکل کلی و شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (به‌عنوان پارامترهای نامتقارن بودن درون کروموزومی) نیز در شکل ٤ نشان داده شده است. این روند در جمعیت‌های بررسی شده با داشتن رابطهٔ منفی نشان‌دهندهٔ تغییرات درون کروموزومی است که با اندازه‌گیری یکی از این دو پارامتر نسبت به‌میزان متقارن بودن کروموزوم‌ها اطلاع خواهیم یافت. حسام‌زاده [١٩]، [٢٠] و صفری [٢١] نیز در بررسی‌های جداگانه‌ای بر وجود رابطهٔ معکوس بین دو شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی و درصد شکل کلی (به‌عنوان شاخص‌های عدم تقارن درون کروموزومی) تأکید کرده‌اند و رابطهٔ مستقیم و مثبتی بین دو شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی و اختلاف دامنهٔ طول نسبی کروموزوم‌ها (به‌عنوان شاخص‌های عدم تقارن بین کروموزومی) گزارش کرده‌اند.



شکل ۴. مقایسهٔ روند تغییرات دو پارامتر TF% و A1

به‌منظور تعیین نقش هر یك از صفات کاریوتیپی بررسی شده در تنوع بین جمعیت‌ها، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام شد که نتایج حاصل در جدول ٢ درج شده است. بر این اساس دو مؤلفهٔ اول و دوم در مجموع بیش از ٧٠/٦٣ درصد از تنوع موجود بین جمعیت‌های بررسی شده را توجیه کردند. مقادیر ضرایب بردارهای ویژه در مؤلفهٔ اول نشان داد که صفات درصد کلی فرم (٠/٩٧)، میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند (٠/٩٦)، شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (٠/٩٨-) و میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه (٠/٩٨-) با داشتن بالاترین ضرایب بردارهای ویژه دارای بیش‌ترین اهمیت در واریانس بین جمعیت‌ها بودند. در مؤلفهٔ دوم نیز صفات نسبت طول بزرگ‌ترین کروموزوم به کوچک‌ترین(٠/٩٧) ، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (٠/٩٥) و طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم S% (٠/٩٦-) بیش‌ترین ضرایب را به خود اختصاص دادند.

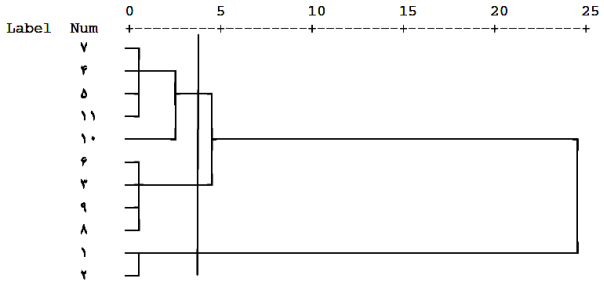
تجزیهٔ خوشه‌ای به روش وارد، با برش نمودار خوشه‌ای در فاصلهٔ ٤، جمعیت‌های بررسی شده را در سه گروه مختلف قرار داد. گروه اول شامل جمعیت‌های شمارهٔ ٤، ٥، ٧، ١٠ و ١١ بود. در گروه دوم جمعیت‌های شمارهٔ ٣، ٦، ٨ و ٩ قرار گرفتند و گروه سوم نیز شامل دو جمعیت شمارهٔ ١ و ٢ بود.

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

جدول ۲. مقادیر ویژه، درصد واریانس و ضرایب بردارهای ویژه دو مؤلفهٔ اول و دوم در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات کاریوتیپی

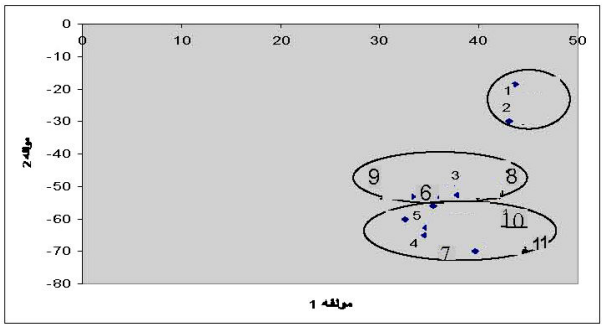
صفات کاریوتیپی	مؤلفهٔ اول	مؤلفهٔ دوم
میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه	-۰/۹۸	-۰/۰۹
میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند	۰/۹۶	۰/۱۱
درصد کلی فرم (TF%)	۰/۹۷	۰/۱
شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1)	-۰/۹۸	-۰/۰۶
شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A2)	-۰/۱	۰/۹۵
نسبت طول بزرگ‌ترین کروموزوم به کوچک‌ترین	۰/۱۶	۰/۹۷
%S	-۰/۱	-۰/۹۶
مقادیر ویژه	٤/۱۳	۳/٦۳
درصد واریانس	۳۷/۵۹	۳۳/۰۳
درصد واریانس تجمعی	۳۷/۵۹	۷۰/٦۳

بر اساس نمودار خوشه‌ای، جمعیت‌هایی که در دورترین دسته‌ها قرار گرفته‌اند دارای بیش‌ترین ناهمگنی ابعاد و ساختار کروموزومی هستند و ممکن است به ایجاد ناسازگاری‌های ژنتیکی از جمله ضعف باروری و تولید مثل [۲۲] و یا هتروزیس منجر گردند. بر این اساس جمعیت‌های گروه دوم دارای بیش‌ترین تغییرات درون کروموزومی و کم‌ترین میزان درصد شکل کلی نسبت به دو گروه دیگر بودند.



شکل ۵. نمودار حاصل از تجزیهٔ خوشه‌ای به روش وارد از نظر ویژگی‌های کاریوتیپی

بر اساس نتایج حاصل از تجزیهٔ خوشه‌ای بیش‌ترین فاصلهٔ ژنتیکی بین جمعیت‌های شمارهٔ ۱ و۷ وجود داشت که نشان‌گر کم‌ترین قرابت آن‌ها است. هم‌چنین کم‌ترین فاصلهٔ ژنتیکی بین دو جمعیت شمارهٔ ٤ و ۷ مشاهده شد. بنا بر این از نظر ژنتیکی ممکن است خویشاوندی بیش‌تری داشته باشند و در تلاقی‌های بین گونه‌ای تا جایی که به همگنی کاریوتیپی مربوط می شود کم‌ترین ناسازگاری را از خود نشان دهند [۲۰]. نمودار حاصل از پراکنش جمعیت‌ها بر اساس دو مؤلفهٔ اصلی اول و دوم ، آن‌ها را در ۳ گروه متمایز قرار داد که این امر مؤید نتایج حاصل از تجزیهٔ خوشه‌ای بود (شکل ٦) .



شکل ٦. نمودار حاصل از پراکنش جمعیت‌ها بر اساس دو مؤلفهٔ اصلی اول و دوم

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

منابع

۱. نصراله قاسمی دهکردی، *فارماکوپه گیاهی ایران*، انتشارات وزارت بهداشت، درمان و آموزش پزشکی، معاونت غذا و دارو، (۱۳۸۱) ۳۳۳ـ ۳۲۵.

2. K. H. Rechinger, "Flora Iranica, Akademische Druck-U. Verlagsans talt", Graz- Austria, 150 (1982) 536- 537.

۳. حسین میرزایی ندوشن، شهین مهرپور، محمد باقر رضایی، سعید رشوند، *مطالعه مقدماتی جمعیت‌هایی از گونهٔ Aloe litoralis . تحقیقات ژنتیك و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران*، مؤسسهٔ تحقیقات جنگل‌ها و مراتع، ۹، (۲۹۸) (۱۳۸۱) ۸۴ـ۴۹.

۴. علی قربان آزاد، حسین میرزایی ندوشن، آناهیتا شریعت، *مطالعهٔ ویژگی‌های کاریوتیپی جمعیت‌هایی از گونه گیاهی سبد Stipagrostis pennata با استفاده از تجزیهٔ به مؤلفه‌های اصلی*، تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران، ۱۴(۴) (۱۳۸۵) ۲۰۱ـ۱۹۴.

5. M. Maude, F. Pamela, "The Merton catalogue. A list of the chromosome numerals of species of British flowering plants", New Phytologist, 38 (1939) 1-31.

6. D. Zohary, V. H. Heywood, "An enumeration of the wild genetic resources of native European plants are grown in the Europe for food, forage, ornament, timber and other purposes. Herbarium editerreneum Panormitanum", Bocconea, 7, http://www.pgrforum.org/Zohary_Heywood_catalogue.htm, (1997).

7. K. G. Shanmugavelu, N. Kumar, K. V. Peter, "Production technology of spices and plantation crops", Agrobios (India), chapter 11 (2002) 131-136.

8. R. N. Deng, B. B. Liu, M. L. Cai, D. Hao, R. F. Li, Y. Liu, "Cytological study on the medical plant *Foeniculum vulgare* Mill", Journal of Huazhong Agricultural University, 25 (2006) 595- 597.

۹. لیلی صفایی، حسین زینلی، و زهرا جابرالانصار، *مطالعهٔ کاریوتیپی ۵ جمعیت رازیانه (Foeniculum vulgare) بومی ایران*، تحقیقات ژنتیك و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران، موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع ، ۱۶ (۱) (۱۳۸۷) ۱۲۵ـ۱۱۷

10. A. K. Datta, P. Rita, "Chromosomal studies in four seed species of Umbelliferae", Indian Journal of Genetic and Plant Breeding, 63 (2003) 361-362.

11. M. Sheidaii, N. Kalhor-home, A. Poorneydanei, "Cytogenetic study of some populations of *Foeniculum vulgare* (Umbelliferae) in Iran", Caryologia. 60 (2007) 257-261.

12. N. Seetharaman, D. Dhanavel, P. Pavadai, "Unique features of growth in some

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]

members of Apiaceae, Plant Archives 4 (2004) 443-446.

13. Y. M. Agayev, "Advanced squash methods for investigation of plant chromosomes, Fourth Iranian Congress in Crop Production and Breeding Sciences, Key-note papers, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran (1996).
14. G. L. Stebbins, "Chromosomal Evolution in Higher Plants", Edward Arnold (London), (1971) 216pp.
15. C. Romerozarco, "A new method for estimating karyotype asymmetry", Taxon, 35 (1986) 526-530.
16. Huziwara, Y. Karyotype "analysis of compositae, VIII, further studies on the chromosome of the Aster", American Journal of Botany, 49 (1962) 116-119.
17. A. Levan, K. Fredga, A. Sandberg, "Nomenclature for centromeric position on chromosome", Hereditas, 52 (1964) 201-220.

۱۸. احمد خسروی، *تاکسونومی گیاهی و بیوسیستماتیک (ترجمه)*، انتشارات دانشگاه شیراز (۱۳۷۵)۳۹۰ صفحه.

۱۹. سیدمحسن حسام‌زاده‌حجازی، مهدی ضیایی‌نسب، *مطالعه سیتوژنتیکی برخی گونه های جنس Hedysarum موجود در بانک ژن منابع طبیعی*، مجلهٔ تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران ۱، (۲) (۱۳۸۶) ۹۴-۸۵.

۲۰. سیدمحسن حسام‌زاده‌حجازی، مهدی ضیایی‌نسب، *بررسی سیتوژنتیکی برخی از جمعیتهای گونه های دیپلوئید جنس Onobrychis موجود در بانک ژن منابع طبیعی ایران*، مجلهٔ تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران ۱۶، ۲ (۱۳۸۷) ۱۷۱-۱۵۸.

۲۱. هوشمند صفری، سیدمحسن حسام‌زاده‌حجازی، نسترن حجازی، *بررسی تنوع کاریوتیپی در سه گونه از جنس تلخ بیان (Sophora* sp.*)*، تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران ۱، (۳۱) (۱۳۸۷) ۳۶-۲۷.

۲۲. آناهیتا شریعت، حسین میرزایی ندوشن، عباس قمری زارع، محمدحسین سنگتراش، *بررسی کاریوتیپ گونه‌هایی از یونجه‌های یک‌ساله Medicago* spp.، تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران، ۶ (۱۳۸۰) ۲۳-۱.

[Downloaded from ndea10.khu.ac.ir on 2024-09-20]