

دو فصلنامه علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۱۹، شماره ۱، صفحه ۱۳۳-۱۱۹ (۱۳۹۰)

کاربوتیپ ۶ جمعیت از گونه‌ها و زیرگونه‌های جنس توت روباه (*Sanguisorba ssp.*)

صادق پورمرادی*^۱ و سیدمحسن حسامزاده حجازی^۲

*^۱- نویسنده مسئول مکاتبات، مربی پژوهش، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران

پست الکترونیک: Spour272@yahoo.com

^۲- استادیار، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، تهران

تاریخ پذیرش: ۱۳۸۹/۱۲/۱۵

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۰۴/۱۵

چکیده

با هدف بررسی تنوع سیتوژنتیکی، کاربوتیپ ۶ جمعیت از جنس توت روباه (*Sanguisorba ssp.*) با استفاده از سیستم آنالیز تصویری ارزیابی شد. پس از آماده سازی، رنگ آمیزی، بررسی میکروسکوپی نمونه‌ها و جداسازی کروموزوم‌ها توسط نرم‌افزار Photoshop، با استفاده از نرم‌افزار Micromasure در حداقل سه سلول مناسب متافاز میتوزی، ابعاد کروموزومی نظیر طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه و طول کل کروموزوم اندازه‌گیری و آماره‌های AR و CI محاسبه گردید. سپس داده‌ها در قالب طرح کاملاً تصادفی نامتعادل تجزیه و تحلیل و میانگین‌ها توسط آزمون دانکن دسته‌بندی شدند. جمعیت‌ها بر مبنای آماره‌های کاربوتیپی: %S، %TF، A₁، DRL، A₂ فرمول کاربوتیپی و کلاس تقارن با هم مقایسه گردیدند. براساس نتایج بدست آمده جمعیت‌های ۱۰۴۶۲ یزد و ۱۳۹۷۶ ممسنی و کنگل چال مازندران تتراپلوئید (2n=4x=28)، جمعیت ۱۲۳۳۳ خلخال هگزاپلوئید (2n=6x=42) و جمعیت‌های ۱۳۹۶۳ گلستان و ۱۳۲۹۶ خلخال اکتاپلوئید (2n=8x=56) بودند. جمعیت اکتاپلوئید ۱۳۲۹۶ خلخال و جمعیت تتراپلوئید ۱۳۹۷۶ ممسنی براساس شاخص‌های تقارن یا عدم تقارن بین کروموزومی (DRL و A₂) و جمعیت تتراپلوئید ۱۳۹۷۶ ممسنی و جمعیت اکتاپلوئید ۱۳۹۶۳ گلستان بر مبنای دو شاخص تقارن و یا عدم تقارن درون کروموزومی (A₁) و %TF، نامتقارن‌ترین و متکاملترین کاربوتیپ را داشتند. مؤلفه‌های اول (SA و TL) و دوم (LA، AR، CI، %TF و A₁) باهم ۹۰/۱٪ از کل واریانس متغیرها را توجیه نمودند. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای (به روش Ward) و تجزیه به مؤلفه‌ها باهم مطابقت داشت. بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت‌های ۱۳۲۹۶ خلخال و ۱۳۹۷۶ ممسنی مشاهده شد.

واژه‌های کلیدی: *Sanguisorba minor Scop.*، توت روباه، تنوع سیتوژنتیک، کروموزوم و کاربوتیپ.

مقدمه

معنای بند آوردن گرفته شده است (Bremness, 1990). مظفریان (۱۳۷۵) از این جنس در ایران به دو گونه علفی چندساله با ارزش علوفه‌ای بسیار خوب (*Sanguisorba officinalis* L. و *Sanguisorba minor Scop.*) اشاره

توت روباه (*Sanguisorba L.*) گیاهیست چندساله از خانواده نسترن (Rosaceae)، اسم جنس این گیاه از دو کلمه Sanguin به معنای سرخ یا خون و Sorbeo به

اکتاپلوئید معرفی نمود. همچنین Parra و Valdes (۱۹۹۷) تعداد کروموزوم‌های *S. minor* Scop. subsp. *magnolii* Briq. (Spach) را ۲۸ ذکر کردند و Albers و Probsting (۱۹۹۸) گونه *Sanguisorba officinalis* L. را اکتاپلوئید، Lippert و Heubl (۱۹۸۹) آن را هگزاپلوئید و Oginuma (۱۹۹۰) آن را تتراپلوئید گزارش نمودند. اما متأسفانه تاکنون در زمینه سیتوژنتیک این گونه هیچ‌گونه مطالعه‌ای در ایران انجام نشده است. تحقیق حاضر با هدف بررسی تنوع سیتوژنتیکی و تعیین سطح پلوئیدی، نوع و اندازه کروموزوم‌ها و مقایسه تقارن کاربوتیپی جمعیت‌های مورد بررسی این جنس اجرا شده است.

مواد و روشها

این بررسی بر روی ۶ توده (Accession) از گونه‌ها و زیرگونه‌های جنس *Sanguisorba* با کدهای ۱۰۶۶۲، ۱۲۳۳۳، ۱۳۲۹۶، ۱۳۹۶۳، ۱۳۹۷۶ و کنگل چال مازندران از بین توده‌های موجود در بانک ژن منابع طبیعی (واقع در مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور) انجام شد. از محلول آلفا برموفتالین ۰/۵ درصد به‌عنوان پیش‌تیمار، محلول لویتسکی به‌عنوان تثبیت‌کننده، الکل ۷۰٪ به منظور نگهداری ریشه‌ها، هیدروکسید سدیم نرمال به‌عنوان هیدرولیز کننده و از محلول رنگ همتوکسیلین جهت رنگ‌آمیزی نمونه‌ها استفاده شد. کروموزوم‌های هر سلول توسط نرم‌افزار Photoshop از هم جدا و با استفاده از نرم‌افزار Micromesure در حداقل سه سلول مناسب متافاز میتوزی، ابعاد کروموزومی نظیر طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه و طول کل کروموزوم اندازه‌گیری و آماره‌های AR و CI محاسبه شد. داده‌ها در قالب طرح کاملاً تصادفی نامتعادل تجزیه تحلیل و میانگین صفات

نموده است. براساس مطالعات خاتم‌ساز (۱۳۷۱) از گونه *Sanguisorba officinalis* L. نمونه‌ای از ایران مشاهده نگردید. Rechinger (۱۹۶۹) محل پراکنش این گونه را گیلان (رودبار) و آذربایجان (تبریز و قره داغ) ذکر نموده است. خاتم‌ساز (۱۳۷۱) از گونه *Sanguisorba minor* Scop. چهار زیرگونه در ایران نام برده است: *S. minor* subsp. *Lasiocarpa*، *S. minor* subsp. *Magnolii*، *S. minor* subsp. *Muricata* و *S. minor* subsp. *Minor* که وجه تمایز آنها در میوه کاملاً رسیده قابل رؤیت است. نمونه‌ای از زیرگونه *S. minor* Scop. subsp. *magnolii* Briq. (Spach) در ایران مشاهده نشده است (خاتم‌ساز، ۱۳۷۱). گیاه *S. minor* Scop. subsp. *magnolii* (Spach) Briq. در کوه‌دشت لرستان رویت شده است (محمدیان و همکاران، ۱۳۸۵). *Sanguisorba minor* L. گونه علفه‌ای و کاملاً خوشخوراک است، در اکثر نقاط ایران می‌روید و در تولید فرآورده‌های دامی و حفاظت خاک، نقش بسزایی دارد. پیمانی فرد و همکاران (۱۳۷۳) *S. minor* scop. را برای مناطقی که ۲۵۰ میلی متر در سال بارندگی دارند گونه‌ای سازگار معرفی و کشت آن را توصیه نمودند. در مطالعاتی که تاکنون بر روی جنس *Sanguisorba* صورت گرفته است، گونه‌ها و زیرگونه‌های آن تتراپلوئید، هگزاپلوئید و اکتاپلوئید گزارش شده‌اند. همچنین Mesicek (۱۹۹۲) گونه *S. minor* Scop. را تتراپلوئید ($2n=4x=28$) و Humphries (۱۹۷۸) آن را اکتاپلوئید ($2n=8x=56$) معرفی نموده است (نقل از Goldblatt & Johnson, 1975-8). ضمناً Dobes و Hann (۱۹۹۷) زیرگونه *S. minor* Scop subsp *minor* را تتراپلوئید ذکر کردند و Buttler (۱۹۸۳) زیرگونه *S. minor* Scop subsp. *muricata* (Spach) Briq. را تتراپلوئید و

توسط آزمون دانکن در سطح ۵ درصد مورد مقایسه قرار گرفت. آماره‌های کاریوتیپی: $\%S$ ، $\%TF$ ، (Huziwar, A₁, DRL, A₂, Romero Zarco, 1986)، فرمول (1962)، Levan (۱۹۶۴) و کلاس تقارن Stebbins (۱۹۷۱) برای جمعیت‌های مورد بررسی محاسبه و جمعیت‌ها با هم مقایسه شدند. میانگین صفات کروموزومی طول بازوی بلند و طول بازوی کوتاه جمعیت‌های مختلف مورد مطالعه محاسبه و ایدیوگرام مربوط به هر جمعیت با استفاده از نرم‌افزار Excel رسم گردید. در ترسیم ایدیوگرام جمعیت‌ها، کروموزوم‌ها براساس کاهش طول کل کروموزوم مرتب و سانترومرها در یک راستا قرار داده شد. با توجه به معنی‌دار بودن اختلاف بین ژنوتیپ‌ها از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای گروه‌بندی جمعیت‌ها بر مبنای صفات فوق استفاده شد. دیاگرام پراکنش ژنوتیپ‌ها روی دو مؤلفه اول نیز رسم گردید. برای گروه‌بندی جمعیت‌ها تجزیه خوشه‌ای به روش Ward بر روی ۱۱ صفت مورد بررسی انجام شد. برای این منظور از داده‌های استاندارد شده و فاصله مربع اقلیدسی استفاده گردید. تجزیه آماری داده‌ها توسط نرم‌افزارهای Minitab و Mstatc انجام گردید.

نتایج

تصاویر متافاز میتوزی جمعیت‌های مورد مطالعه در شکل ۱ و ایدیوگرام و کاریوگرام آنها در شکل‌های ۲ تا ۷ ارائه شده است. پارامترهای درصد طول نسبی کوتاهترین کروموزوم ($\%S$)، درصد شکل کلی ($\%TF$)، A₁ (شاخص عدم تقارن درون کروموزومی)، اختلاف دامنه طول نسبی کروموزوم (DRL)، ضریب پراکنندگی پیرسون (A₂) به‌عنوان شاخص عدم تقارن بین کروموزومی، فرمول

کاریوتیپی و گروه‌بندی برای جمعیت‌های مورد بررسی محاسبه و در جدول ۱ ارائه گردیده است. پایه کروموزومی در این جنس برابر ۷ است ($x=7$). جمعیت‌های ۱۰۴۶۲ (یزد)، کنگل چال (مازندران) و ۱۳۹۷۶ (ممسنی) تتراپلوئید و دارای $2n=4x=28$ کروموزوم و جمعیت ۱۲۳۳۳ (خلخال) هگزاپلوئید و دارای $2n=6x=42$ کروموزوم است. جمعیت‌های ۱۳۹۶۳ گلستان و ۱۳۲۹۶ خلیخال نیز اکتاپلوئید و دارای $2n=8x=56$ کروموزوم هستند. طول بلندترین و کوتاهترین کروموزوم جمعیت تتراپلوئید ۱۰۴۶۲ یزد به ترتیب $2/14 \mu m$ و $1/36 \mu m$ است. در این جمعیت به ترتیب حداکثر و حداقل طول بازوی بلند (L)، $1/17 \mu m$ و $0/73 \mu m$ ، طول بازوی کوتاه (S)، $0/97 \mu m$ و $0/63 \mu m$ ، نسبت طول بازوی بلند به کوتاه کروموزوم (AR)، $1/24$ و $1/11$ ، شاخص سانترومری (CI)، $0/47$ و $0/45$ و درصد طول نسبی کروموزوم $8/63$ و $5/48$ است. در جمعیت ۱۰۴۶۲ یزد طول یک سری کروموزوم (هاپلوئید) $24/79 \mu m$ ، مجموع طول بازوهای بلند $13/38 \mu m$ و مجموع طول بازوهای کوتاه $11/41 \mu m$ است. این جمعیت با فرمول کاریوتیپی $14m$ ، از لحاظ تقارن کاریوتیپی براساس جدول Stebbins در کلاس ۱A قرار دارد و متوسط طول هر کروموزوم آن $1/77 \mu m$ است. میزان A₁ آن $0/15$ ، A₂ برابر $0/13$ ، $\%S$ ، معادل $5/48$ ، $\%TF$ ، مساوی $67/03$ و DRL، به مقدار $3/15$ محاسبه شده است. براساس فرمول کاریوتیپی با توجه به جدول ارائه شده توسط Levan همه کروموزوم‌های جمعیت‌های مورد مطالعه از نوع متاساتریک (m) بوده و همگی در یک سطح از تقارن کاریوتیپی قرار داشتند. جمعیت‌های مورد بررسی با توجه به جدول Stebbins

جمعیت کنگل چال مازندران با میانگین $0/835 \mu m$ و جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال با میانگین $0/728 \mu m$ در بین جمعیت‌های مورد مطالعه به ترتیب بیشینه و کمینه طول بازوی کوتاه را به خود اختصاص دادند. جمعیت کنگل چال مازندران با میانگین $1/814 \mu m$ و جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال با میانگین $1/585 \mu m$ به ترتیب حداکثر و حداقل طول کل کروموزوم را در بین جمعیت‌ها داشتند. تفاوت بین جمعیت‌ها از نظر طول کل کروموزوم بیانگر اینست که در مسیر تکامل تغییرات عمده‌ای در میزان ماده کروماتینی و DNA هسته‌ای آنها ایجاد شده است. بطور کلی وجود اختلاف معنی‌دار بین گونه‌های یک جنس از نظر اندازه طول کل کروموزوم، نقش تغییرات کمی DNA را در روند گونه‌زایی نشان می‌دهد و اختلاف معنی‌دار این پارامتر در بین جمعیت‌های یک گونه، تغییرات سازشی ژنوم را در ارتباط با محیط محلی بیان می‌نماید (Hesamzadeh Hejazi & Ziaei Nasab, 2010). یکی از مکانیسم‌های مهم ایجاد تفاوت بین اندازه کروموزوم‌ها و مقدار DNA در بین گونه‌های نزدیک به هم، وقوع پدیده ترانس لوکاسیون نابجا است.

عدم اختلاف معنی‌دار بین جمعیت‌هایی که در یک دسته قرار می‌گیرند بیانگر این واقعیت است که در تمایز این جمعیت‌ها از یکدیگر تغییر مقدار کمی DNA نقشی نداشته است، بلکه تغییرات ساختمانی کروموزوم‌ها از قبیل جابجائی، واژگونی، حذف و اضافه قطعات کوچک کروموزومی علت تفاوت‌های ژنتیکی است.

(۱۹۷۱) در گروه‌های متفاوتی قرار گرفتند، بر این مبنا جمعیت‌های ۱۰۴۶۲ یزد، ۱۲۳۳۳ خلخال، ۱۳۹۶۳ گلستان، ۱۳۹۷۶ ممسنی و کنگل چال در کلاس ۱A و جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال در کلاس ۱B قرار گرفتند (جدول ۱).

به منظور تشخیص وجود تفاوت بین جمعیت‌ها، داده‌های مورفولوژی کروموزومی در قالب طرح کاملاً تصادفی مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند. نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌های کاربوتیپی جمعیت‌های مورد بررسی در جدول ۲ ارائه شده است. میانگین صفات کروموزومی جمعیت‌های مطالعه شده جداگانه برای هر یک از صفات توسط آزمون دانکن در سطح ۰/۰۵ با هم مقایسه و دسته‌بندی شدند (جدول ۳). نتایج تجزیه واریانس نشان داد تفاوت بین جمعیت‌های مورد بررسی از نظر صفات طول بازوی کوتاه (SA)، طول کل کروموزوم (TL)، نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه (AR) و شاخص سانترومیری (CI) در سطح ۱ و از نظر طول بازوی بلند (LA) در سطح ۵ درصد معنی‌دار شده است (جدول ۲). این امر بیانگر وجود تنوع در صفات مورفولوژی کروموزومی در بین ژرم‌پلاسم مورد بررسی است.

دسته‌بندی میانگین طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه و طول کل کروموزوم، نسبت بازوها و شاخص سانترومیری جمعیت‌های مورد مطالعه نشان داد جمعیت کنگل چال مازندران با میانگین $0/979 \mu m$ و جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال با میانگین $0/846 \mu m$ به ترتیب بیشترین و کمترین طول بازوی بلند را در بین جمعیت‌ها داشتند.

جدول ۱- پارامترهای سنجش تقارن کاربوتیپی جمعیت‌های مورد مطالعه

گونه	جمعیت	محل جمع‌آوری	ارتفاع	%S	%TF	A ₁	DRL	A ₂	فرمول کاربوتیپی	SC
<i>S. minor</i> L	۱۰۴۶۲	یزد	۲۰۴۸	۵/۴۸	۴۶/۰۳	۰/۱۵	۳/۱۵	۰/۱۳	۱۴m	۱A
<i>S. officinalis</i> L.	۱۲۳۳۳	اردبیل - خلخال	۱۵۸۰	۳/۴۳	۴۶/۰۱	۰/۱۵	۲/۳۲	۰/۱۲	۲۱m	۱A
<i>S. minor</i> L	۱۳۲۹۶	اردبیل - خلخال	۲۲۰۰	۲/۰۸	۴۶/۶۳	۰/۱۳	۲/۵۰	۰/۱۸	۲۸m	۱B
<i>S. minor</i> L	۱۳۹۶۳	گلستان - پارک ملی	۱۷۰۰	۲/۴۴	۴۵/۵۱	۰/۱۶	۲/۱۷	۰/۱۲	۲۸m	۱A
<i>S. minor</i> L	۱۳۹۷۶	فارس - ممسنی	۱۴۲۰	۵/۷۸	۴۴/۸۷	۰/۱۸	۴/۵۶	۰/۱۷	۱۴m	۱A
<i>S. minor</i> L	کنگل چال	مازندران - نور	۲۳۵۰	۵/۹۰	۴۶/۰۳	۰/۱۵	۲/۴۸	۰/۱۲	۱۴m	۱A

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات کاربوتیپی اندازه‌گیری شده در جمعیت‌های مورد مطالعه در قالب طرح کاملاً تصادفی

شاخص سانترومری	نسبت بازوی بلند به کوتاه	طول کل کروموزوم	طول بازوی کوتاه	طول بازوی بلند	درجه آزادی	منابع تغییر
۰/۰۰۰۱۰۴ **	۰/۰۰۲۸۱ **	۰/۰۲۵۴۴ **	۰/۰۰۶۰۸ **	۰/۰۰۷۲۲ *	۵	جمعیت
۰/۰۰۰۰۱۹	۰/۰۰۰۰۵۴۹	۰/۰۰۰۵۵۷	۰/۰۰۰۱۱۷	۰/۰۰۰۱۷۴	۱۴	خطا
۰/۹۶	۱/۹۷	۴/۳۷	۴/۳۶	۴/۵۱		ضریب تغییرات

*: معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ **: معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

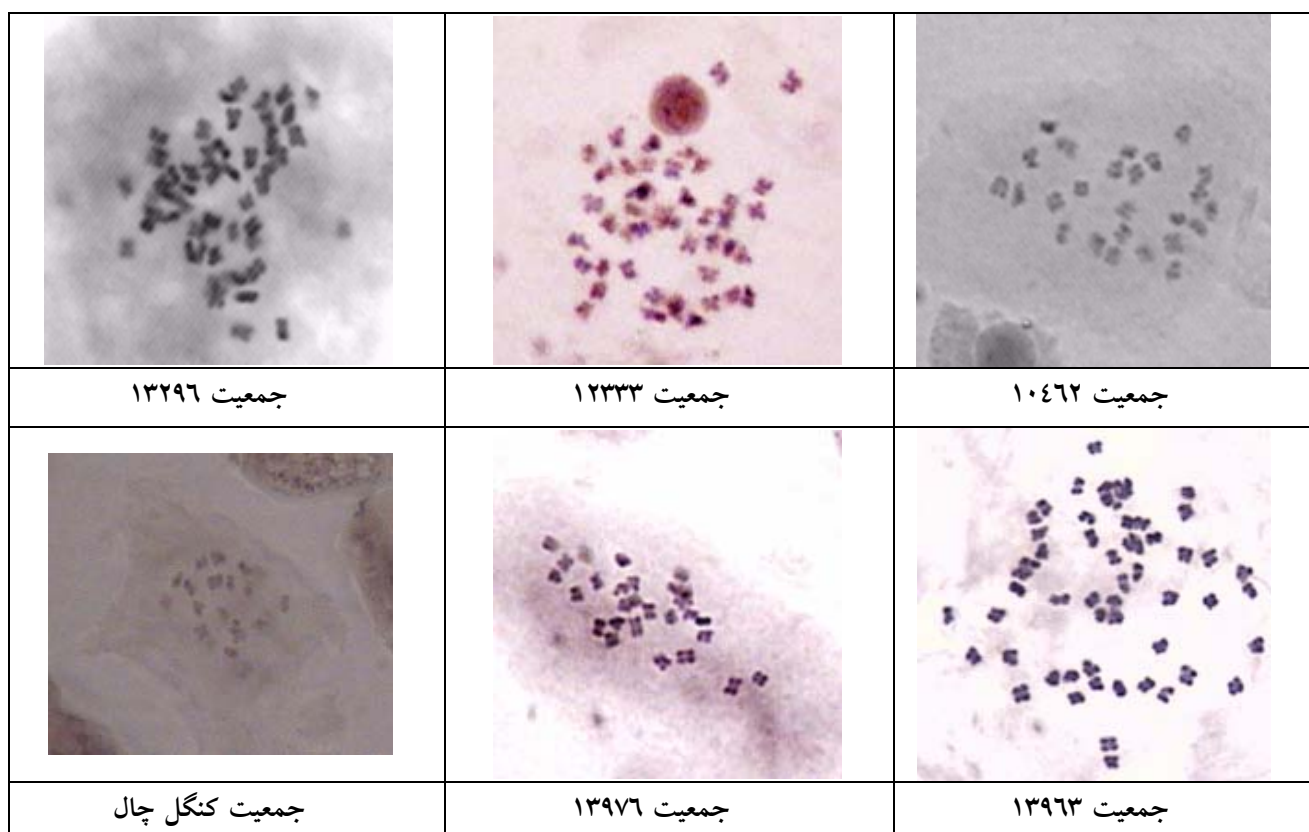
جدول ۳- دسته‌بندی میانگین جمعیت‌های مورد بررسی از نظر ویژگی‌های مختلف کروموزومی

جمعیت	LA (μm)	SA (μm)	TL (μm)	AR	CI
۱۰۴۶۲	۰/۹۵۶ ab	۰/۸۱۵ ab	۱/۷۷۰ ab	۱/۱۷۸ bc	۰/۴۶۰ ab
۱۲۳۳۳	۰/۹۴۲ ab	۰/۸۰۳ ab	۱/۷۴۶ abc	۱/۱۸۲ bc	۰/۴۶۰ ab
۱۳۲۹۶	۰/۸۴۶ c	۰/۷۳۹ c	۱/۵۸۵ d	۱/۱۵۱ c	۰/۴۶۶ a
۱۳۹۶۳	۰/۹۱۴ abc	۰/۷۶۴ bc	۱/۶۷۸ bcd	۱/۲۰۶ ab	۰/۴۵۵ bc
۱۳۹۷۶	۰/۸۹۴ bc	۰/۷۲۸ c	۱/۶۲۲ cd	۱/۲۴۰ a	۰/۴۴۹ c
کنگل چال	۰/۹۷۹ a	۰/۸۳۵ a	۱/۸۱۴ a	۱/۱۸۰ bc	۰/۴۶۰ ab

به روش دانکن در سطح ۵ درصد (حروف یکسان بیانگر نبودن تفاوت معنی‌دار بین کمیت‌هاست)

جدول ۴- مقادیر ویژه، درصد واریانس و ضرایب بردارهای ویژه مربوط به هر یک از ۱۱ صفات مورد مطالعه در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در ۶ جمعیت مورد بررسی

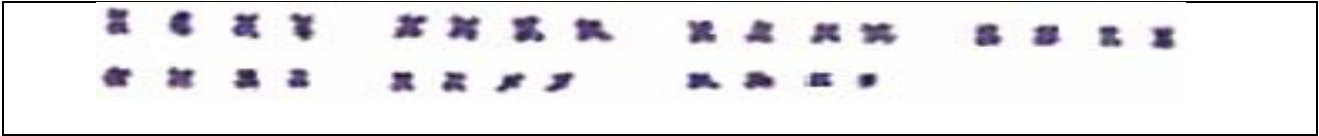
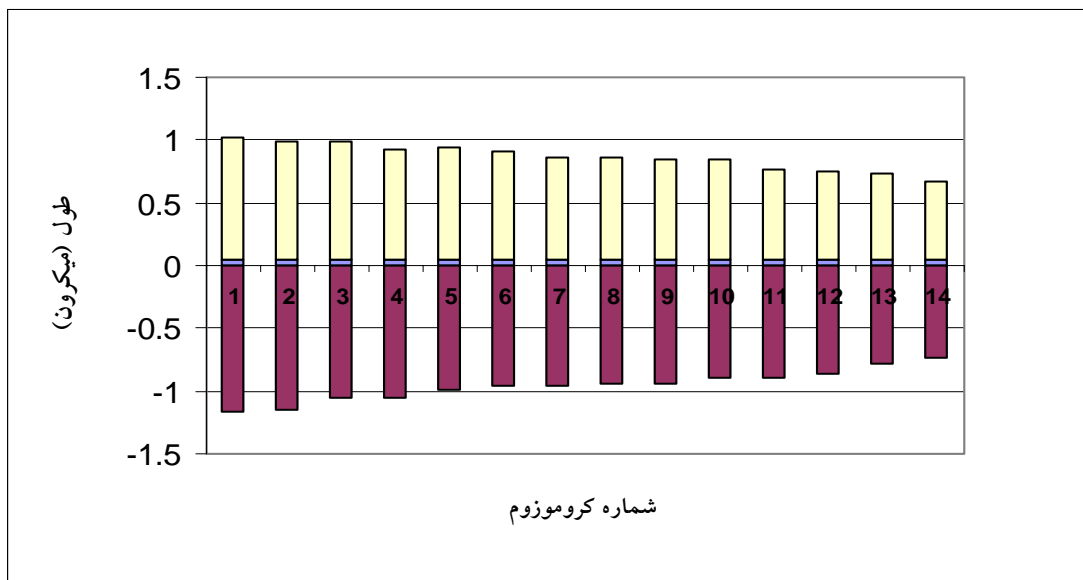
صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم
LA	۰/۲۸۹	-۰/۳۴۹	۰/۰۱۰
SA	۰/۳۹۱	-۰/۱۹۰	۰/۰۸۷
TL	۰/۳۴۵	-۰/۲۷۹	۰/۰۴۸
AR	-۰/۲۹۸	-۰/۳۲۷	-۰/۱۸۷
CI	۰/۲۹۱	۰/۳۳۳	۰/۲۰۶
%S	۰/۰۱۷	-۰/۳۷۲	۰/۵۹۴
%TF	۰/۲۹۱	۰/۳۳۶	۰/۱۸۱
A1	-۰/۲۸۲	-۰/۳۴۴	-۰/۱۹۳
DRL	-۰/۳۰۹	-۰/۱۹۵	۰/۵۲۶
A2	-۰/۳۰۳	۰/۲۴۷	۰/۴۵۹
مقادیر ویژه	۵/۴۳۴	۴/۴۸۰	۱/۰۵۳
درصد واریانس	۴۹/۴۰	۴۰/۷۰	۹/۶۰
درصد واریانس تجمعی	۴۹/۴۰	۹۰/۱۰	۹۹/۷۰



شکل ۱- تصاویر متافاز میتوز جمعیت‌های مورد بررسی

سائترومیری را به خود اختصاص دادند. هرچه این شاخص به ۰/۵ نزدیک تر باشد کاربوتیپ متقارن تر است. به بیان دیگر با توجه به این شاخص جمعیت‌های ۱۳۲۹۶ خلخال، ۱۰۴۶۲ یزد، کنگل چال مازندران و ۱۲۳۳۳ خلخال از سایر جمعیت‌ها کاربوتیپ متقارن‌تری دارند و نامتقارن‌ترین کاربوتیپ به جمعیت‌های ۱۳۹۷۶ ممسنی و ۱۳۹۶۳ گلستان تعلق دارد (جدول ۳).

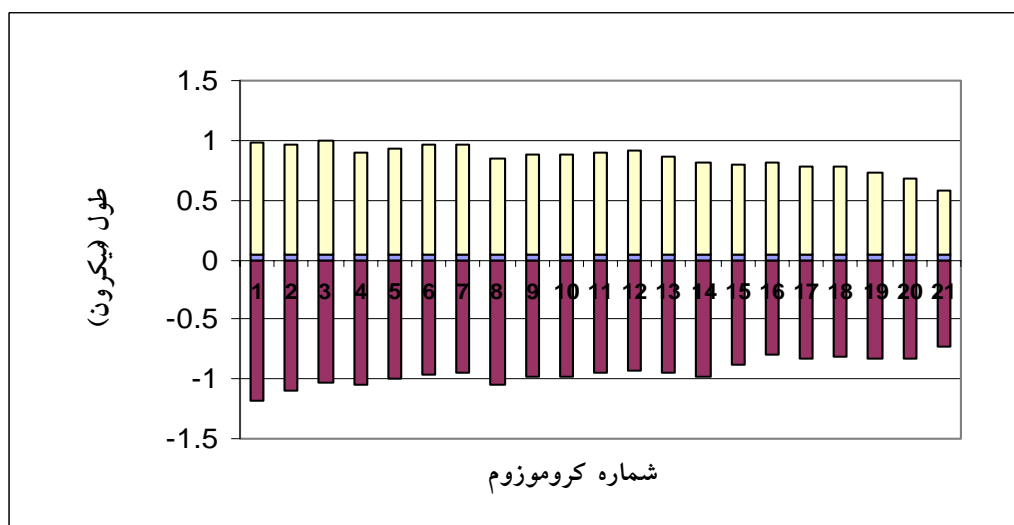
جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی با میانگین $1/24 \mu m$ و جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال با میانگین $1/151 \mu m$ به ترتیب بیشترین و کمترین نسبت بازوها را در بین جمعیت‌های مورد بررسی داشتند. مقادیر بالای این آماره عدم تقارن درون کروموزومی گونه‌ها و جمعیت‌ها را بیان می‌کند. جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال با میانگین $0/466 \mu m$ و جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی با میانگین $0/449 \mu m$ در بین جمعیت‌های مورد مطالعه به ترتیب بیشینه و کمینه شاخص



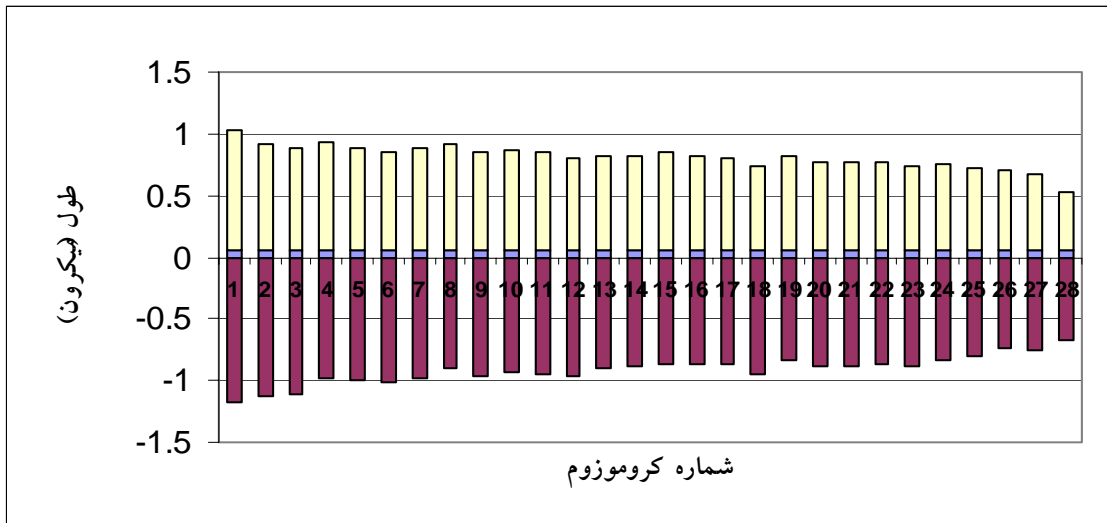
شکل ۲- ایدیوگرام و کاربوتیپ جمعیت ۱۰۴۶۲



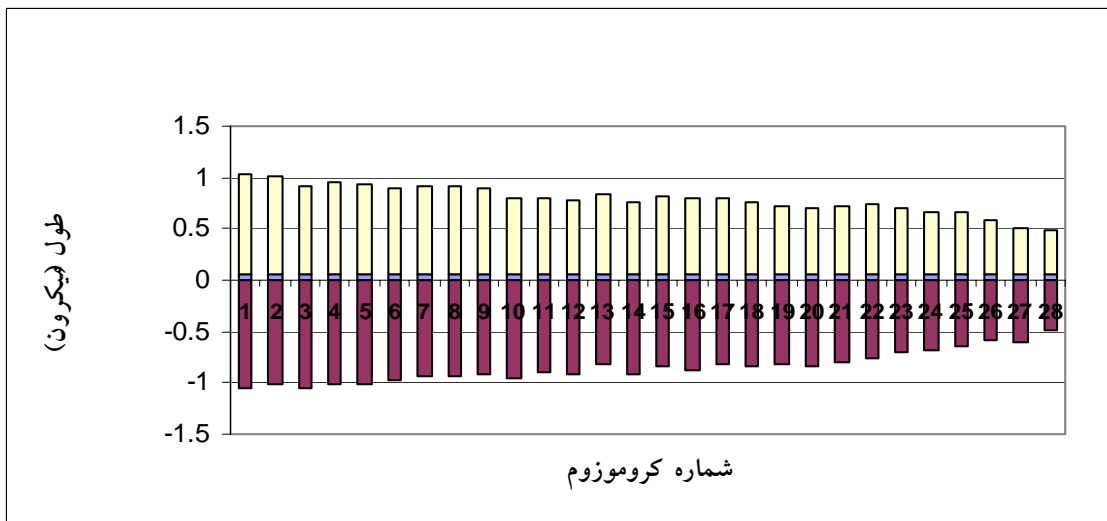
شکل ۳- ایدیوگرام و کاربوتیپ جمعیت ۱۳۹۷۶



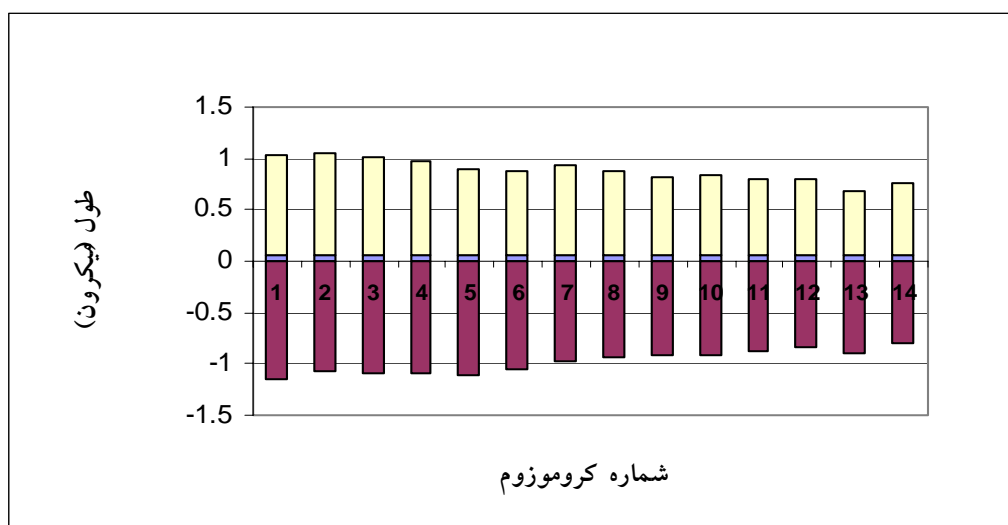
شکل ۴- ایدیوگرام و کاربوتیپ جمعیت ۱۲۳۳۳



شکل ۵- ایدیوگرام و کاریوگرام جمعیت ۱۳۹۶۳



شکل ۶- ایدیوگرام و کاریوگرام جمعیت ۱۳۲۹۶

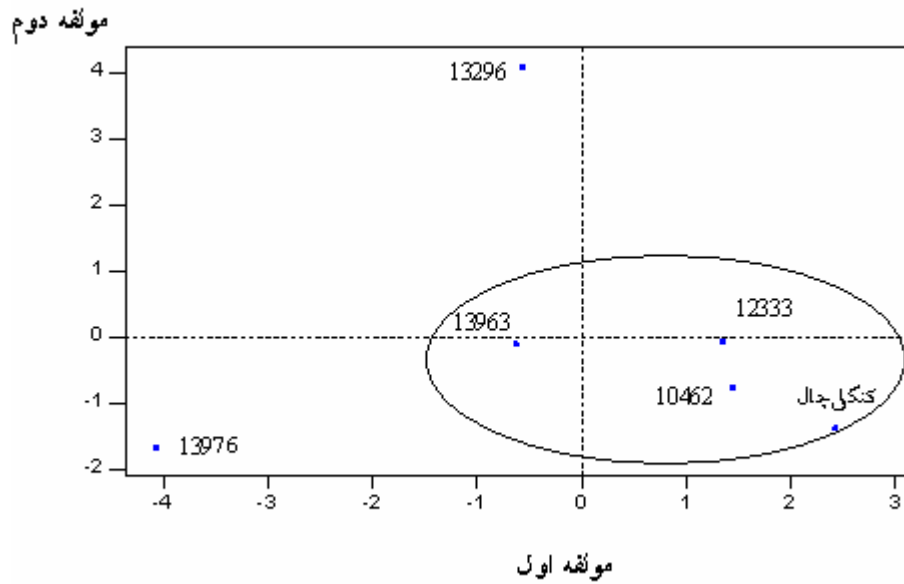


شکل ۷- ایدیوگرام و کاربوتیپ ۶ جمعیت کنگل چال

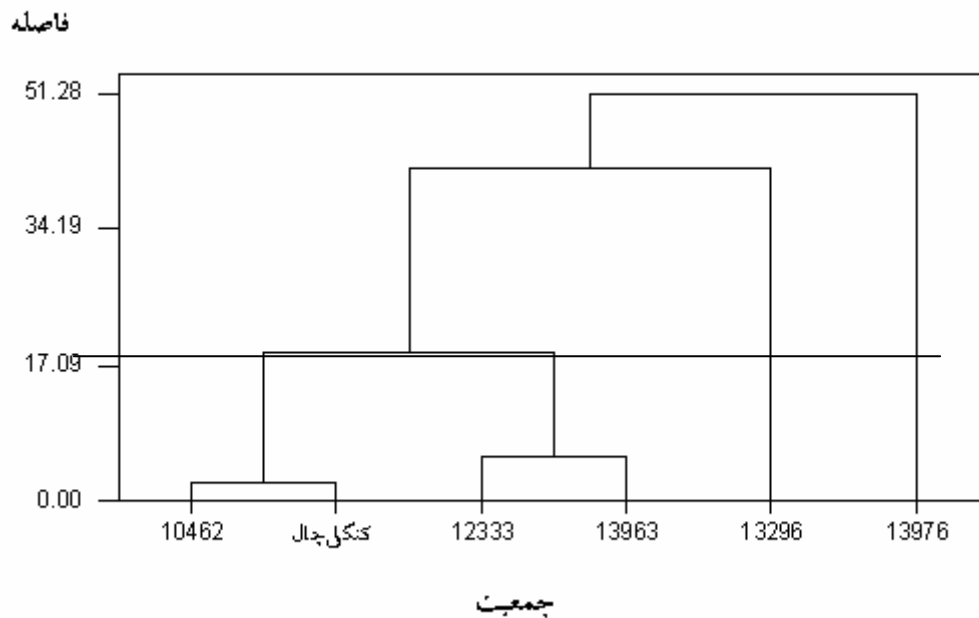
شکل کلی (TF) مابقی دارای ضرایب بردار منفی بوده‌اند. در مؤلفه سوم صفات طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم (S)، اختلاف دامنه طول نسبی کروموزوم (DRL) و ضریب پراکندگی پیرسون (A_2) به‌عنوان شاخص عدم تقارن بین کروموزومی، هر سه با ضرایب بردار مثبت مهمترین صفات مؤلفه را تشکیل دادند. نتایج نشان داد، مؤلفه اول و دوم در مجموع ۹۰/۱ درصد از واریانس کل را توجیه می‌نمایند. نمودار پراکنش ۶ جمعیت مورد بررسی بر مبنای مقادیر دو مؤلفه اصلی اول، ترسیم شد (شکل ۸). برای گروه‌بندی جمعیت‌ها تجزیه کلاستر به روش Ward بر روی ۱۱ صفت مورد بررسی انجام شد. برای این منظور از داده‌های استاندارد شده و فاصله مربع اقلیدسی استفاده گردید. با برش دندروگرام در فاصله ژنتیکی ۲۰ ارقام در سه گروه متفاوت قرار گرفتند (شکل ۹). در دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای (شکل ۹) جمعیت‌های ۱۰۴۶۲ یزد، کنگل چال

در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی پارامترهای مقادیر ویژه، درصد واریانس، درصد واریانس تجمعی به همراه ضرایب بردارهای ویژه ۳ مؤلفه اصلی اول بر مبنای ۱۱ صفت در ۶ جمعیت مورد بررسی محاسبه و نتایج در جدول ۴ درج شده است. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی سه مؤلفه اصلی اول به ترتیب ۴۹/۴٪، ۴۰/۷٪ و ۹/۶٪ و در مجموع ۹۹/۷٪ از کل واریانس متغیرها را توجیه نمودند (جدول ۴). در مؤلفه اول که بیشترین سهم را در ایجاد تنوع داشت صفات: طول بازوی کوتاه (SA) و طول کل کروموزوم (TL) به‌عنوان مهمترین صفات برای گروه‌بندی ارقام در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی شناخته شدند. در مؤلفه دوم صفات: طول بازوی بلند (LA)، نسبت بازوها (AR)، شاخص سانترومیری (CI)، درصد شکل کلی (TF) و A_1 (شاخص عدم تقارن درون کروموزومی) به‌عنوان مهمترین صفات بیشترین سهم را در این مؤلفه داشته و به جزء شاخص سانترومیری (CI)، درصد

مازندران، ۱۲۳۳۳ خلخال و ۱۳۹۶۳ گلستان در کلاستر اول، ۱۳۹۷۶ ممسنی نیز در کلاستر سوم جای گرفتند. جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال به تنهایی در کلاستر دوم و جمعیت



شکل ۸- دیاگرام پراکنش ۶ جمعیت مورد بررسی بر مبنای دو مؤلفه اول اصلی



شکل ۹- دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر به روش ward بر روی ۶ جمعیت مورد مطالعه بر مبنای ۱۱ صفت کاربوتیپی

بحث

با توجه به مطالعات انجام شده در این جنس تنها گونه *S. officinalis* L. دارای ۴۲ کروموزوم است بنابراین به احتمال زیاد جمعیت ۱۲۳۳۳ به گونه *S. officinalis* L. تعلق دارد.

در بین جمعیت‌های تتراپلوئید مورد بررسی، جمعیت کنگل‌چال مازندران با مقدار $5/90$ بیشترین میزان طول نسبی کوتاهترین کروموزوم ((S))، متقارن‌ترین کاربوتیپ و جمعیت ۱۰۶۶۲ یزد با کمترین مقدار این آماره ($5/48$) نامتقارن‌ترین کاربوتیپ را دارند. بر مبنای این آماره از بین دو جمعیت اکتاپلوئید، جمعیت ۱۳۹۶۳ گلستان با مقدار $2/44$ کاربوتیپ متقارن‌تری نسبت به جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال دارد. در جمعیت‌های تتراپلوئید، کمترین میزان درصد شکل کلی به جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی با $44/87$ و بیشترین مقدار آن به جمعیت‌های کنگل‌چال مازندران و ۱۰۶۶۲ یزد ($46/03$) تعلق دارد، یعنی دو جمعیت اخیر کاربوتیپ متقارن‌تری دارند. بر مبنای این آماره در بین جمعیت‌های اکتاپلوئید جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال کاربوتیپ متقارن‌تری در مقایسه با جمعیت ۱۳۹۶۳ گلستان دارد. مقدار A_1 در کروموزوم‌های متاسانتریک کمتر است؛ به طوری که اگر تمام کروموزوم‌های یک گونه از نوع متا (M) باشند مقدار A_1 برابر صفر خواهد بود و در این حالت گونه بالاترین درجه تقارن کاربوتیپی را خواهد داشت. در بین جمعیت‌های تتراپلوئید کمترین مقدار این آماره به جمعیت‌های کنگل‌چال مازندران و ۱۰۶۶۲ یزد ($0/15$) تعلق گرفت یعنی دو جمعیت اخیر کاربوتیپ متقارن‌تری داشتند و جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی با $0/18$ بیشترین مقدار این آماره و نامتقارن‌ترین کاربوتیپ را داشت. بر این مبنای جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال با $0/13$ و جمعیت ۱۳۹۶۳ گلستان با $0/16$

به ترتیب متقارن‌ترین و نامتقارن‌ترین کاربوتیپ در بین جمعیت‌های اکتاپلوئید را به خود اختصاص دادند. دو شاخص A_1 و $\%TF$ که تقارن و یا عدم تقارن درون کروموزومی را نشان می‌دهند، با هم رابطه معکوس دارند، به طوری که هر چه $\%TF$ بیشتر شود میزان A_1 کاهش پیدا می‌کند. بر مبنای دو شاخص A_1 و $\%TF$ (شاخص‌های تقارن و یا عدم تقارن درون کروموزومی) جمعیت‌های تتراپلوئید کنگل‌چال مازندران و ۱۰۶۶۲ یزد و جمعیت اکتاپلوئید ۱۳۲۹۶ خلخال متقارن‌ترین کاربوتیپ و جمعیت تتراپلوئید ۱۳۹۷۶ ممسنی و جمعیت اکتاپلوئید ۱۳۹۶۳ گلستان نامتقارن‌ترین و تکامل یافته‌ترین کاربوتیپ را در بین جمعیت‌های مورد بررسی داشتند.

بر مبنای آماره DRL ، به ترتیب جمعیت کنگل‌چال مازندران با میزان $2/48$ و جمعیت ۱۳۹۶۳ گلستان با مقدار $2/17$ متقارن‌ترین کاربوتیپ را در بین جمعیت‌های تتراپلوئید و اکتاپلوئید دارند. جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی با DRL برابر با $4/56$ نامتقارن‌ترین کاربوتیپ را در بین جمعیت‌های تتراپلوئید داراست.

ضریب پراکندگی پیرسون (A_2) به عنوان شاخص عدم تقارن بین کروموزومی، نامتقارن بودن کاربوتیپ را از لحاظ ارتباط بین اندازه کروموزوم‌های مختلف نشان می‌دهد. هر چه میزان A_2 بیشتر باشد اختلاف بین اندازه طول کروموزوم‌ها بیشتر بوده، کاربوتیپ نامتقارن‌تر و گونه تکامل یافته‌تر است. بر این اساس جمعیت‌های ۱۳۹۶۳ گلستان در بین جمعیت‌های اکتاپلوئید و جمعیت کنگل‌چال مازندران از بین جمعیت‌های تتراپلوئید با $0/12$ متقارن‌ترین کاربوتیپ را داشتند. بر این اساس نامتقارن‌ترین کاربوتیپ به جمعیت اکتاپلوئید ۱۳۲۹۶ خلخال با $0/18$ و جمعیت تتراپلوئید ۱۳۹۷۶ ممسنی با $0/17$ اختصاص یافت. مطابق نتایج حسام

جمعیت‌های موجود در کلاستر ۱ از نظر صفات طول بازوی بلند (L)، طول بازوی کوتاه (S) و طول کل کروموزوم (TL) در گروه اول دسته‌بندی میانگین‌ها قرار می‌گیرند و از این لحاظ با دو کلاستر دیگر اختلاف معنی‌داری نشان می‌دهند. کلاستر ۲ (جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال) بیشترین میزان شاخص سانترومری (CI) را به خود اختصاص داد و به اتفاق کلاستر ۱ در گروه اول دسته‌بندی میانگین‌ها قرار گرفت و از این حیث با کلاستر ۳ (جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی) تفاوت معنی‌دار داشت (جدول ۳). در ضمن بیشترین میزان درصد شکل کلی (TF) و A_2 در جدول ۱ به این جمعیت تعلق دارد. لازم به ذکر است ضرایب بردار مثبت و نسبتا بزرگ این صفات در مؤلفه دوم موجب شد تا جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال بالاترین مقدار این مؤلفه را در بین جمعیت‌های مورد بررسی دریافت نماید و به تنهایی در کلاستر دوم قرار گیرد. جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی (کلاستر ۳) دارای بزرگترین نسبت بازوها (AR) بود و از این جهت با دو کلاستر ۱ و ۲ تفاوت معنی‌دار نشان داد (جدول ۳). بعلاوه بالاترین مقدار آماره‌های طول نسبی کوتاهترین کروموزوم (S ٪)، اختلاف دامنه طول نسبی کروموزوم (DRL) و A_1 به این کلاستر (۱۳۹۷۶ ممسنی) تعلق دارد (جدول ۱). ضرایب منفی بردار و قدر مطلق نسبتا بزرگ اعداد این صفات در مؤلفه‌های ۱ و ۲ موجب شد، جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی مقادیر منفی این مؤلفه‌ها (به ویژه در مؤلفه اول) را کسب نموده و به تنهایی در کلاستر سوم جای گیرد. در این مطالعه فاصله ژنتیکی بین کلاستر ۱ با ۲ و ۳ به ترتیب ۵/۱۳۰۵ و ۵/۵۷۶۸ بود و این فاصله برای جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال (کلاستر ۲) با جمعیت ۱۳۹۷۶ ممسنی (کلاستر ۳) ۷/۱۰۶۱ واحد بدست آمد. به بیان دیگر بیشترین فاصله ژنتیکی بین دو جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال و

زاده و ضیایی نسب (۱۳۸۵) بین DRL و A_2 به‌عنوان شاخص‌های تقارن یا عدم تقارن بین کروموزومی رابطه مستقیم و مثبت دیده می‌شود، به طوری که با افزایش A_2 و DRL نیز افزایش می‌یابد.

براساس شاخص‌های تقارن یا عدم تقارن بین کروموزومی (DRL و A_2) نامتقارن‌ترین و متکامل‌ترین کاریوتیپ به جمعیت اکتاپلوئید ۱۳۲۹۶ خلخال و جمعیت تتراپلوئید ۱۳۹۷۶ ممسنی تعلق داشت.

در نمودار پراکنش ۶ جمعیت مورد بررسی که بر مبنای مقادیر دو مؤلفه اصلی اول هر یک از آنها ترسیم شد (شکل ۸)، جمعیت‌های کنگل چال مازندران، ۱۰۴۶۲ یزد و ۱۲۳۳۳ خلخال بیشترین مقدار از مؤلفه اول را داشتند. در این مؤلفه صفات: طول بازوی کوتاه (SA) و طول کل کروموزوم (TL) هر دو دارای ضرایب بردار مثبت بودند. مطابق جدول ۳ بیشترین مقادیر صفات طول بازوی کوتاه (SA) و طول کل کروموزوم (TL) مربوط به این جمعیت‌هاست. در مؤلفه دوم جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال بیشترین مقدار مؤلفه را به خود اختصاص داده است. در جدول ۳، جمعیت ۱۳۲۹۶ خلخال کمترین مقدار صفات طول بازوی بلند (LA) و نسبت بازوها (AR) و بیشترین میزان شاخص سانترومری (CI) را داشت. در جدول ۱ بیشترین مقدار درصد شکل کلی (TF) و کمترین میزان A_1 (شاخص عدم تقارن درون کروموزومی) به این جمعیت تعلق گرفت. با توجه به صفات دارای اهمیت و علامت آنها در مؤلفه‌ها، نتایج مقایسه میانگین‌ها با نمودار پراکنش جمعیت‌ها براساس دو مؤلفه اول اصلی مطابقت دارد. در نمایش گروه‌بندی کلاسترها تطابق خوبی بین نتایج حاصل از تجزیه کلاستر و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مشاهده می‌شود و جدول دسته‌بندی میانگین‌ها نیز گروه‌بندی فوق را تایید می‌کند.

- (<http://mobot.mobot.org/W3T/Search/ipcn.html>)
accessed 28 February, 2009.
- Bremness, L., 1990. Herbs, Reader's Digest Association, Inc. Dutton/Plume, New York. P. 290.
 - Buttler, K. P., 1983. Chromosomenzahlen von Gefäßpflanzen aus Hessen (und dem angrenzenden Bayern). 1. Folge. Hess. Florist. Briefe, 32: 23--26
 - Dobeš, C. and Hahn, B., 1997. IOPB chromosome data 11. Newslett. Int. Organ. Pl. Biosyst. (Oslo), 26/27: 15-18.
 - Goldblatt, P. and Johnson, D., 1975-8. Index to plant chromosome numbers. Missouri Botanical Garden, USA.
 - Hesamzadeh Hejazi S.M. and Ziaei Nasab, M., 2010. Cytotaxonomy of some *Onobrychis* (Fabaceae) species and populations in Iran. *Caryologia*, 63: 18-31
 - Huziwara, Y., 1962. Karyotype analysis in some genera of compositae. VIII Further studies on the chromosome of *Aster*. *American Journal of Botany*, 49: 116-119.
 - Levan, A.K., K. Fredga, and A. Sandberg. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosome. *Hereditas*, 52: 201-220.
 - Lippert, W. and Heubl, G. R., 1989. Chromosomenzahlen von Pflanzen aus Bayern und angrenzenden Gebieten: [Teil 2]. *Berichte der Bayerischen Botanischen Gesellschaft zur Erforschung der Heimischen Flora*, 60: 73-83.
 - Mesiček, J., 1992. List of Chromosome Numbers of the Czech Vascular Plants. *Academia, Praha*. In J. Mesiček and V. Javůrková-Jarolímová, Available In sit IPCN (<http://mobot.mobot.org/W3T/Search/ipcn.html>) accessed 28 February, 2009
 - Oginuma, K., 1990. A cytological study on two species of *Sanguisorba* from western Japan. *Bulletin of College of Child Development, Kochi Women's University*, 14: 87-92.
 - Romero Zarco, C., 1986. A new method for estimating karyotype asymmetry. *Taxon*, 36: 526-530.
 - Rechinger, K. H., 1969. *Flora Iranica*. Vol. 66, Akademische Druck- U. Verlagsanstalt Graz - Austria.
 - Stebbins, G.L., 1971. *Chromosome evolution in higher plants*. Edward Arnold Publisher. L.T.D. London. PP.216.
 - Valdés, B. and Parra, R., 1997. *Números cromosómicos de plantas de Marruecos*, 1. *Lagascalia*, 20: 161-166.
- ۱۳۹۷۶ ممسنی مشاهده شد. که این نشان دهنده اختلاف کروموزومی دو جمعیت فوق می‌باشد. همان طور که در مبحث تقارن کاروتیپی اشاره شد در بین جمعیت‌های مورد مطالعه جمعیت‌های ۱۳۲۹۶ خلخال و ۱۳۹۷۶ ممسنی دارای نامتقارن‌ترین و تکامل یافته‌ترین کاروتیپ هستند. در ضمن دیاگرام حاصل از پراکنش ژنوتیپ‌ها براساس دو مؤلفه اصلی اول و دوم، نتایج حاصل از تجزیه کلاستر را تایید می‌نماید. زیرا ژنوتیپ‌هایی که در کلاسترهای مختلف قرار گرفته‌اند در روی دیاگرام نیز بطور کاملا مجزا و متمایز پراکنش یافته‌اند (شکل‌های ۸ و ۹).
- ### منابع مورد استفاده
- پیمانی فرد، ب.، ملک پور، ب. و فائزی پور، م.، ۱۳۷۳. معرفی گیاهان مهم مرتعی و راهنمای کشت آنها برای مناطق مختلف ایران. تهران، انتشارات مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع، نشریه شماره ۲۴.
 - حسام زاده حجازی، س. م.، ضیایی نسب، م.، ۱۳۸۵. بررسی کاربولوژیکی برخی از گونه‌های جنس شبدر (*Trifolium* sp.) موجود در بانک ژن منابع طبیعی ایران. مجله زیست‌شناسی ایران، جلد ۱۹ شماره ۳، صفحه ۲۹۹-۳۱۳.
 - خاتم‌ساز، م.، ۱۳۷۱. فلور ایران شماره ۶: تیره گل سرخ (Rosaceae). تهران، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع، ۳۵۰ صفحه.
 - محمدیان، ع.، اکرمیان، ر.، سپهوند، ع.، سیاه منصور، ر.، مهرنیا، م.، خادمی، ک.، سوری، ع. و رحمتی، ط. ۱۳۸۵. مطالعه آت-اکولوژی گونه پوتریوم (توت رویاه) در استان لرستان. تهران، سازمان تحقیقات و آموزش کشاورزی، گزارش نهایی طرح تحقیقاتی شماره ۰۲-۰۳۱۰۲۳۹۰۹-۸۰.
 - مظفریان، ولی ا.، ۱۳۷۵. فرهنگ نام‌های گیاهان ایران (لاتین - انگلیسی - فارسی). تهران، فرهنگ معاصر. ۶۷۱ صفحه.
 - Albers, F. and Pröbsting, W., 1998. In R. Wisskirchen and H. Haeupler, *Standardliste der Farn- und Blütenpflanzen Deutschlands*. Bundesamt für Naturschutz and Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart. Available In sit IPCN

Karyotypic study on six populations of species and subspecies of Burnet genera (*Sanguisorba* ssp.)

S. Pourmoradi*¹ and S.M. Hesamzadeh Hejazi²

1*-Corresponding author, Agriculture and Natural Resources Research Center of Mazandaran, Sari, I.R.Iran,
Email: Spour272@yahoo.com

2- Assist. Prof., Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, I.R.Iran.

Received: 06.06.2009

Accepted: 05.03.2010

Abstract

The research was carried out to study biodiversity aspects of six small burnet populations, using cytogenetic traits. Root tips were stained; and chromosom morphological traits such as short arm length (SA), long arm length (LA) and total length (TL) were measured using photomicroscope and Micromesure software. Analysis of variances was performed on chromosomes morphological traits: LA, SA, TL, arm ratio (AR) and centromer index (CI), using unbalanced completely randomized design with at least three replications. Several symmetrical assessment statistics such as: relative length of the shortest chromosome (S%), total form percentage (TF%), A_1 , difference of relative length range (DRL), A_2 , Levans chromosomal nomenclature method and Stebbins categories (SC) were calculated. Results showed that populations number 10462, 13976 and kangalchal populations were tetraploid ($2n=4x=28$) while population number 12333 was hexaploid ($2n=6x=42$), and populations number 13963 and 13296 were octaploid ($2n=8x=56$). Populations 13296 (octaploid) and 13976 (tetraploid) showed the most asymmetric karyotype between the studied populations base on A_2 and DRL. Populations 13963 (octaploid) and 13976 (tetraploid) showed the most asymmetric karyotype between all of the studied populations base on %TF and A_1 . Using principal components analysis, the first three components justified % 99.7 of the total variance. In the first component, SA and TL with the highest coefficients of eigen vectors, were the most important traits. In the second component, LA, AR, CI, %TF and A_1 had the most important role. In the third component, %S, DRL and A_2 were the most important traits. Cluster Analysis classified the population in three clusters when clustering was performed based on karyotypic statistics. Clustering reveied that the octoploid population, 13296 had the most genetic distance with 13976 octaploid populations. According to the scater plot, base on the first two components, the populations were grouped in three distinct classes, corresponding with the result of cluster analysis.

Key words: *Sanguisorba minor* Scop., Burnet, Cytogenetic diversity, Karyotype.