دو فصلنامهٔ علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۱۸، شمارهٔ ۲، صفحهٔ ۲۴۸-۲۳۹ (۱۳۸۹)

بررسی کاریوتیپی تعدادی از جمعیت‌های ارزن معمولی و ارزن دم روباهی

مریم السادات سلامتی[*1]، حسین زینلی[2] و مهدی یوسفی[3]

۱*- کارشناس ارشد زیست‌شناسی (علوم گیاهی)، دانشگاه پیام نور- اصفهان، پست الکترونیک: maryamsalamaty@gmail.com
۲- استادیار، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اصفهان
۳- استادیار، دانشگاه پیام نور، اصفهان

تاریخ دریافت: ۸۸/۱۱/۲۸ تاریخ پذیرش: ۸۹/۰۹/۲۱

چکیده

این تحقیق بر روی ۱۵ جمعیت ارزن معمولی (*Panicum miliaceum* L.) و ارزن دم روباهی (*Setaria italica* L.) انجام شد. کاریوتیپ هر جمعیت در مرحله متافاز میتوز مطالعه و بررسی گردید. پارامتر طول کل کروموزوم (TL)، طول بازوی بلند (L)، طول بازوی کوتاه (S)، نسبت بازوها (AR)، شاخص سانترومری (CI)، اختلاف درصد طول نسبی بزرگترین و کوچکترین کروموزوم، شاخص‌های نامتقارن بودن درون و بین کروموزومی (A_1، A_2) و درصد شکل کلی کاریوتیپ محاسبه گردید. تجزیه واریانس پارامترهای کروموزومی نشان داد که بین جمعیت‌ها اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱٪ وجود داشت که مؤید وجود تنوع کروموزومی و ژنتیکی در جمعیت‌های مورد بررسی است. دامنه تغییرات طول کل کروموزوم در بین جمعیت‌های مورد بررسی از ۸۷/۳ میکرومتر در جمعیت نجف آباد تا ۲۳۸/۳ میکرومتر در جمعیت بادرود متغیر بود. عدد پایه کروموزومی در تمام جمعیت‌های مورد مطالعه x = ۹ بود. از لحاظ سطح پلوئیدی، جمعیت‌های ارزن معمولی همگی تتراپلوئید و ارزن دم‌روباهی دیپلوئید تشخیص داده شدند. براساس جدول دو طرفه استبینز اغلب جمعیت‌ها در کلاس ۱A و ۲B قرار گرفتند که این امر بیانگر کاریوتیپ‌های نسبتاً متقارن می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: ارزن معمولی، ارزن دم روباهی، کاریوتیپ.

مقدمه

ارزن‌ها جزء غلات دانه ریز محسوب شده و به خانواده گندم تعلق دارند. ارزن برای تولید دانه و علوفه کشت می‌شود و در نواحی که کشت غلات دانه ریز به صورت بهاره موفقیت آمیز است، سازگاری دارد. به طور معمول به‌عنوان محصولی دیرکاشت و تابستانه با فصل رشد کوتاه که امکان کشت محصول دیگری نباشد، کشت می‌گردد. گونه‌های مختلف ارزن در آمریکا، آفریقا، اروپا، آسیا و اوراسیا گسترش دارند (Hammer & Khoshbakht, 2007). در ایران، استان‌های خراسان، کرمان، فارس، آذربایجان شرقی و اصفهان از عمده‌ترین تولیدکنندگان ارزن در سطح کشور می‌باشند که در این میان اصفهان به تنهایی در حدود نیمی از تولیدات ارزن در کشور را داراست (مهری، ۱۳۸۰).

تحقیقات سیتوژنتیکی که توسط Hamoud و همکاران (۱۹۹٤) بر روی ژنوتیپ‌های ۱۲ گونه ارزن انجام شد آشکار کرد که اکثریت آنها دارای عدد پایه کروموزومی در سطوح مختلف پلوئیدی هستند. مطالعات کروموزومی در مرحله متافاز اول میوز در بین گونه‌ها نشان داد که فراوانی بی‌والانت‌ها در همه ژنوتیپ‌های دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید وجود داشت. یونی‌والانت‌هایی نیز در ژنوتیپ‌های گونه‌های مختلف مشاهده شدند. کاریوتیپ همه ژنوتیپ‌ها تقریباً متقارن و بیشتر شامل کروموزوم‌های متاسانتریک و ساب متاسانتریک با تنوع کمی در طول آنها بود. در تحقیقی Clayton و Renvoize (۱۹۸٦) گونه‌هایی از جنس *Panicum* را مورد بررسی قرار داده و اعداد پایه کروموزومی بین ۱۱ – ۷ را برای این جنس گزارش کردند.

همچنین مطالعات کاریولوژی انجام شده در گونه‌های *Panicum miliaceum* و *Panicum antidotale* نشان داد که تعداد کروموزوم پایه در جمعیت‌های مختلف آنها بین ۹ و ۱۰ متغیر بوده است. سطوح پلوئیدی مشاهده شده در این گونه‌ها دیپلوئید و تتراپلوئید گزارش شده است (Jain *et al.*, 2006؛ Zuloaga, 1987؛ Abha *et al.*, 2003؛ Vitturi *et al.*, 1998). به عبارت دیگر با انجام مطالعات سیتوژنتیکی بر روی دو گونه *Setaria italica* و *Setaria viridis* عدد پایه کروموزومی x = ۹ و سطح پلوئیدی دیپلوئید گزارش شده است (Nasu *et al.*, 2007؛ Jain *et al.*, 2006؛ Nadeem *et al.*, 1994).

تحقیق حاضر با توجه به فقدان اطلاعات در زمینه وضعیت کروموزومی ارزن معمولی و ارزن دم روباهی در ایران و به منظور تعیین فرم کاریوتیپ، سطوح پلوئیدی و عدد کروموزومی جمعیت‌های مورد مطالعه انجام گردید.

مواد و روشها

در این بررسی ۱۵ جمعیت متعلق به گونه‌های *Panicum miliaceum* و *Setaria italica* که از دو گونه و جنس مختلف هستند از مناطق مختلف کشور جمع‌آوری شده و مورد مطالعه سیتوژنتیک قرار گرفتند (جدول ۱). برای مطالعه کروموزوم‌های متافازی ریشه، از روش رنگ‌آمیزی استو- آهن هماتوکسیلین (Agayev, 1996) استفاده گردید. برای این منظور، ابتدا بذرها با محلول ویتاواکس ۲ در هزار به مدت ۵ دقیقه ضدعفونی شده و بعد روی کاغذ صافی مرطوب داخل پتری دیش کاشته شدند و در دمای متناوب ۲۰- ۱۵ درجه سانتی‌گراد و روشنایی مطلق نگهداری گردیدند. پس از جوانه‌زنی و رشد ریشه به طول ۱/۵-۱ سانتیمتر، قسمت انتهایی ریشه جدا گردید و به‌ترتیب مراحل پیش‌تیمار (با استفاده از محلول ۰/۵ درصد آلفا برومونفتالین اشباع در آب، در دمای ٤ درجه سانتی‌گراد به مدت ٤-۲ ساعت)، عمل تثبیت (با استفاده از محلول لویستکی (Levitsky) در دمای ٤ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۰ ساعت)، نگهداری (با استفاده از اتانول ۷۰ درصد در دمای ٤ درجه سانتی‌گراد)، عمل هیدرولیز (در دمای ٦۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۵-۱۲ دقیقه با استفاده از محلول ۱ نرمال هیدروکسید سدیم) و رنگ‌آمیزی نمونه‌ها (با استفاده از رنگ هماتوکسیلین) انجام شد و با میکروسکوپ نوری Olympus مدل BX 40 مجهز به دوربین ویدیویی Canon مورد بررسی قرار گرفت و سه سلول متافازی مناسب (تکرار) جهت اندازه‌گیری عامل‌های کروموزومی با بزرگنمایی ۱۰۰ میکروسکوپ انتخاب شد و پس از تهیه کاریوتیپ با استفاده از نرم افزار Micromeasure، طول کل کروموزوم (TL)، طول بازوی

بلنـد (L)، طـول بـازوی کوتـاه (S)، نسـبت بازوهـا (Arm ratio= AR= L/S) و شاخص سانترومری یا نسبت بازوی کوتاه به طول کـل کرومـوزوم (Centromeric CI index;)، محاسبه گردیـد. در ایـن بررسـی بـرای مطالعـه تقارن کاریوتیپی جمعیت‌های مورد مطالعـه، از جـدول دو طرفه استبینز استفاده شد (Stebbins, 1971).

عامل‌های اخـتلاف درصـد طـول نسـبی بزرگتـرین و کـوچکترین کرومـوزوم (Difference of Relative Length; DRL)، شـاخص نامتقـارن بـودن درون کروموزومی (A_1)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A_2) (Romero Zarco, 1986) و درصـد شـکل کلـی کاریوتیـپ (TF%) (Huziwara, 1962) محاسـبه گردیـد. بـرای تعیـین نـوع کرومـوزوم‌هـا نیـز از روش Levan و همکاران (۱۹٦٤) استفاده شد.

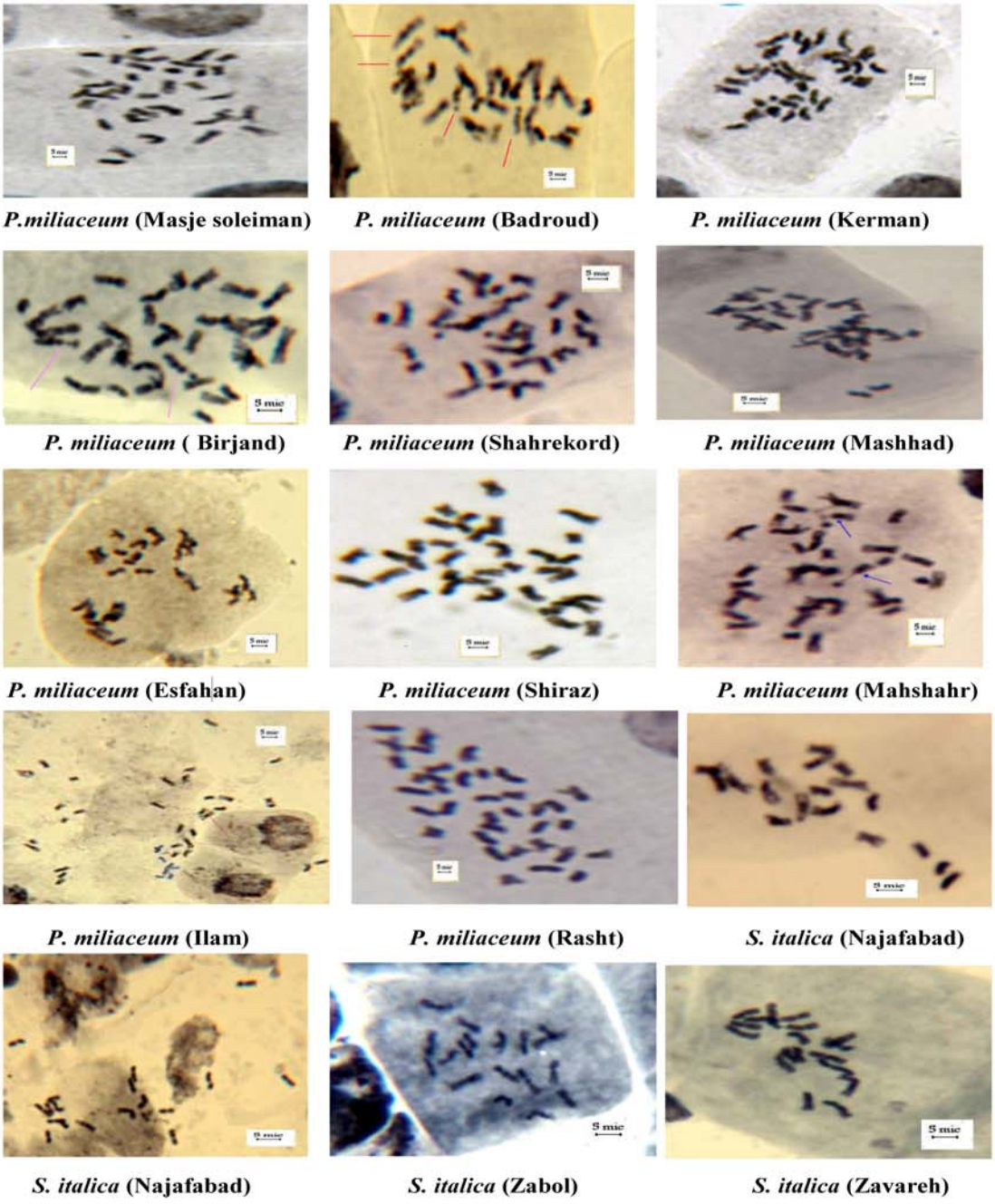
به منظور تجزیه آماری داده‌های حاصل از اندازه‌گیـری ویژگی‌های کروموزومی، تجزیه واریانس بـا طـرح کـاملاً تصادفی با سه تکرار و مقایسه میـانگین‌هـا بـا اسـتفاده از آزمون چند دامنه ای دانکن انجام شد. تجزیه آماری داده‌ها توسط نرم‌افزارهای Excel و SPSS انجام شد.

نتایج

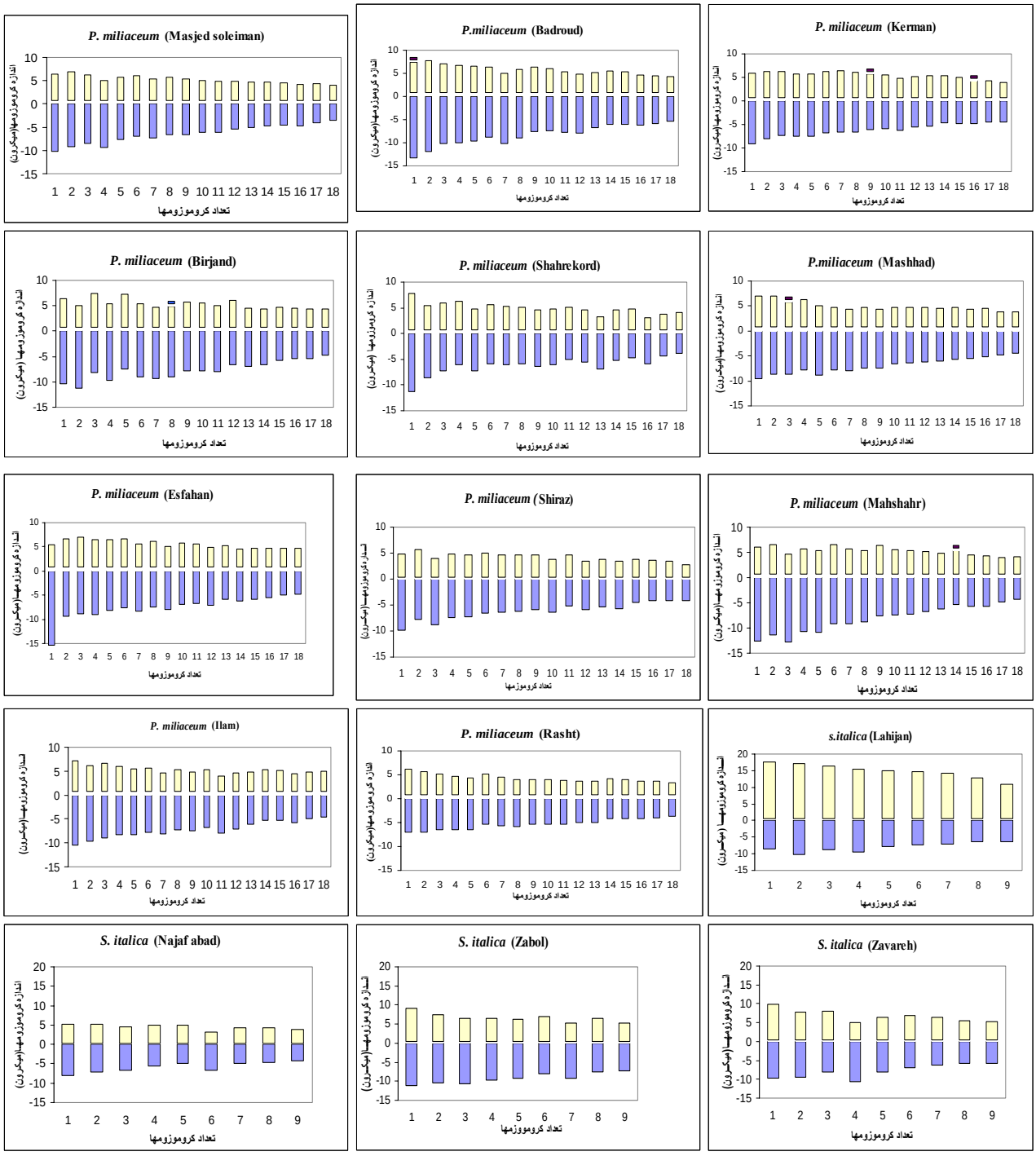
براساس تصاویر متافـاز میتـوزی جمعیـت‌هـای مـورد مطالعه به همراه ایدیوگرام (شکل ۱ و ۲) و نتـایج حاصـل از تجزیه کاریوتیپی (جدول ۱)، تعداد کرومـوزوم پایـه در تمامی جمعیت‌هـای مـورد مطالعـه x = ۹ بـود. از لحـاظ سطح پلوئیـدی، جمعیـت‌هـای ارزن معمـولی تتراپلوئیـد ۲n = ٤x = ۳٦ و جمعیت‌های ارزن دم روبـاهی دیپلوئیـد ۲n = ۲x = ۱۸ بودند.

در جمعیـت‌هـای اصـفهان و ماهشـهر از گونـه ارزن معمولی یک جفت کروموزوم تلوسـانتریک (ts) مشـاهده شد. در کاریوتیپ جمعیت‌های بـادرود، کرمـان، بیرجنـد، مشهد و ماهشهر از گونه ارزن معمـولی مـاهواره مشـاهده گردید. از نظر تعداد ماهواره و موقعیت قرار گرفتن آن بـر روی کروموزوم‌ها بین جمعیت‌هـای مـورد مطالعـه تنـوع مشاهده شد.

نتـایج حاصـل از تجزیـه واریـانس پارامترهـای کروموزومی نشان داد کـه بـین جمعیـت‌هـا از لحاظکلیـه ویژگی‌هـای کرومـوزومی اخـتلاف بسـیار معنـی‌داری در سطح احتمال ۱٪ وجود دارد (جدول ۲) که دلالت بر تنوع ژنتیکی کافی در بین جمعیت‌هـای مـورد مطالعـه اسـت و یک عامل مناسب برای گروه‌بنـدی جمعیـت‌هـا اسـت. از لحاظ سه صفت طول کل کروموزوم، طول بـازوی بلنـد و طول بـازوی کوتـاه، جمعیـت بـادرود (ارزن معمـولی) و نجف آباد (ارزن دم روباهی) به‌ترتیب بیشترین و کمتـرین مقادیر پارامترهای مورد مطالعه را داشـتند. نسـبت بـازوی کروموزومی در جمعیت‌های ماهشـهر، بیرجنـد و بـادرود (ارزن معمولی) در مقایسه با سایر جمعیت‌هـا بیشـتر بـود (جدول ۳).



شکل ۱- تصاویر متافاز میتوزی جمعیت های ارزن معمولی و ارزن دم روباهی (Scale bar = 5µm)



شکل ۲- ایدیوگرام جمعیت‌های ارزن معمولی و ارزن دم روباهی

جدول ۱- ویژگی‌های کاریوتیپی به همراه مؤلفه‌های سنجش تقارن در پانزده جمعیت ارزن معمولی و ارزن دم روباهی

ردیف	گونه	محل جمع‌آوری	K.F	SC	DRL	A_2	A_1	TF%	۲n
۱	*P. miliaceum*	مسجد سلیمان - خوزستان	۲۸m + ۸sm	۲B	٤/٥٦	۰/٤٥	۰/۲۷	٤۰/٦٤	۳٦
۲	*P. miliaceum*	بادرود- اصفهان	۱۸m +۱۸sm	۲B	٤/٥۷	۰/۱۸	۰/۳۹	۳۷/۱۷	۳٦
۳	*P. miliaceum*	کرمان- کرمان	۳٤m +۲sm	۱A	۳/٤٦	۰/۰٦	۰/۲۳	٤۲/۸۰	۳٦
٤	*P. miliaceum*	بیرجند- خراسان	۱۸m +۱۸sm	۲A	۳/٥۳	۰/٥۰	۰/۳۸	۳٦/۷۳	۳٦
٥	*P. miliaceum*	شهرکرد- چهارمحال بختیاری	۳۲m + ٤sm	۱B	٥/۹٥	۰/٤۹	۰/۲۸	٤۱/٦۳	۳٦
٦	*P. miliaceum*	مشهد - خراسان	۲٤m +۱۲sm	۲B	٤/۱۸	۰/۱٦	۰/۳۸	۳۷/٦۳	۳٦
۷	*P. miliaceum*	اصفهان - اصفهان	۲٤m +۱۰sm+۲st	۲B	٥/۰۹	۰/۰۹	۰/۳۲	۳۸/۸۸	۳٦
۸	*P. miliaceum*	شیراز - فارس	۲۰m + ۱٦sm	۲B	٤/۲۱	۰/۲۸	۰/۳۹	۳٦/۰٥	۳٦
۹	*P. miliaceum*	ماهشهر- خوزستان	۲۲m +۱۲sm+۲st	۲B	٤/۳۹	۰/٦۱	۰/۳٤	۳۸/۱٥	۳٦
۱۰	*P. miliaceum*	ایلام - ایلام	۲٤m +۱۲sm	۲A	۳/۸۳	۰/۱۹	۰/۳٥	۳۸/۳۱	۳٦
۱۱	*P. miliaceum*	رشت- گیلان	۲٦m +۱۰sm	۱A	۳/۸۹	۰/۱۱	۰/۳۳	۳۹/٥۰	۳٦
۱۲	*S. italica*	زابل- سیستان و بلوچستان	۱٤m + ٤sm	۱A	٥/٥۷	۰/۲۹	۰/۱۸	٤۰/۳٤	۱۸
۱۳	*S. italica*	نجف آباد- اصفهان	۱۸m	۱A	٥/۹٤	۰/۲٦	۰/۲٤	٤۲/۳۱	۱۸
۱٤	*S. italica*	زواره- اصفهان	۱٤m + ٤sm	۱A	٦/۳۸	۰/۰٥	۰/۲۹	٤٤/۱۱	۱۸
۱٥	*S. italica*	لاهیجان- گیلان	۱٦m + ۲sm	۱A	٥/۲۳	۰/۰۲	۰/۱۹	٤۳/۷٥	۱۸

A_1= (Intra asymmetry chromosomal index) : شاخص عدم تقارن درون کروموزومی

A_2= (Inter asymmetry chromosomal index) : شاخص عدم تقارن بین کروموزومی

TF% : درصد فرم کلی، DRL: اختلاف دامنه درصد طول نسبی بزرگترین و کوچکترین کروموزوم، SC: کلاس تقارن استبینز، K.F: فرمول کاریوتیپی

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات کاریوتیپی، در پانزده جمعیت ارزن معمولی و ارزن دم روباهی

منابع تغییرات	درجه آزادی	TL	L	S	AR	CI
جمعیت	۱٤	٥۷۲٦/٥۷**	۲٦۳٦/٤۷**	٦٤٤/۳۳**	۱۹۰/۸۳**	٦/۷٦**
خطا	۳۰	۱۱/۲٦	۷/۷۰	٤/۲۹	۰/۷٦	۰/۰٤
ضریب تغییرات (%CV)	-	٤/۲۳	۳/۷۸	٤/۹٥	۳/۱۷	٤/۲۰

**: اختلاف معنی دار در سطح احتمال ۱٪

جدول ۳- مقایسه میانگین پارامترهای کروموزومی در پانزده جمعیت ارزن معمولی و ارزن دم روباهی

جمعیت	گونه	CI (μ) ± SE	AR (μ) ± SE	S (μ) ± SE	L (μ) ± SE	TL (μ) ± SE
۱	*P. miliaceum*	۷/٤۳cde ± ۰/۳۸	۱/٤٦d ± ۰/۳٤	۷۹/۷۲cde ± ۰/٤۹	۱۱٦/٤۸e ± ۰/٤۷	۱۹٦/۲۰e ± ۰/۲٤
۲	*P. miliaceum*	٦/۷٥a ± ۰/۲۱	۱/٦۹ab ± ۰/۲۳	۸۸/٥۹a ± ۰/۲۸	۱٤۹/۷۰a ± ۰/۲۷	۲۳۸/۲۹a ± ۰/۱۸
۳	*P. miliaceum*	۷/۷٥bc ± ۰/۳٤	۱/۳۳e ± ۰/۲٦	۸۳/۷٥bc ± ۰/۲۲	۱۱۱/۸۹ef ± ۰/۲۲	۱۹٥/٦٤e ± ۰/۱٤
٤	*P. miliaceum*	٦/٥٤cde ± ۰/۲۷	۱/۷۲a ± ۰/۲۸	۷۹/۹۸cde ± ۰/۳٥	۱۳۷/٥۹b ± ۰/۳۲	۲۱۷/٥۷cd ± ۰/۱۸
٥	*P. miliaceum*	۷/٤۱de ± ۰/۳۱	۱/٤۱d ± ۰/۲٥	۷۷/۰۷de ± ۰/۲٤	۱۰۷/۹۹f ± ۰/۲٦	۱۸٥/۰۷f ± ۰/۱۷
٦	*P. miliaceum*	٦/۷۹e ± ۰/۲۸	۱/٦٥ab ± ۰/۳۲	۷٥/۱۷e ± ۰/۲۳	۱۲٤/٦۰d ± ۰/۲٤	۱۹۹/۷۷e ± ۰/۱٥
۷	*P. miliaceum*	۷/۱۲ab ± ۰/۳۹	۱/٥۷bc ± ۰/۲٤	۸٦/٥۰ab ± ۰/٤۸	۱۳٥/۹۷bc ± ۰/٤٥	۲۲۲/٤۷bc ± ۰/۱۸
۸	*P. miliaceum*	٦/۹۲f ± ۰/٤۱	۱/٦۲ab ± ۰/۳۸	٦۸/٥۱f ± ۰/٤٤	۱۱۱/۲۸ef ± ۰/٤۹	۱۷۹/۷۹f ± ۰/۳٤
۹	*P. miliaceum*	٦/٦۷bc ± ۰/۳٤	۱/۷۷a ± ۰/٤٤	۸۲/۷٤bc ± ۰/۳۸	۱٤٦/۷٤a ± ۰/٤۱	۲۲۹/٤۸b ± ۰/۲۳
۱۰	*P. miliaceum*	٦/۹٦cd ± ۰/۱۹	۱/٦۱ab ± ۰/۲۱	۸۰/۷۷cd ± ۰/۲٤	۱۳۰/۰۷cd ± ۰/۲۳	۲۱۰/۸٤d ± ۰/۱٤
۱۱	*P. miliaceum*	۷/۱۰g ± ۰/۲۸	۱/٥۳bc ± ۰/۱۷	٦۲/۹٥g ± ۰/۲٤	۹٦/٤۰g ± ۰/۲۳	۱٥۹/۳٦g ± ۰/۱۳
۱۲	*S. italica*	۳/٦۲h ± ۰/٤۲	۱/٤۸d ± ۰/۳٥	٥٦/۰۷h ± ۰/٥۲	۸۲/۹۰h ± ۰/٤٤	۱۳۸/۹۷h ± ۰/۲٤
۱۳	*S. italica*	۳/۸۳i ± ۰/۱۷	۱/۲٦f ± ۰/۲۱	۳۹/۹٥i ± ۰/۲۹	٥۰/۳۸j ± ۰/۲۳	۸۷/۳٤j ± ۰/۲٥
۱٤	*S. italica*	۳/۹۷h ± ۰/۲٥	۱/۲۷f ± ۰/۳۹	٥٦/۰۸h ± ۰/۳٤	۷۱/۰٥i ± ۰/۳۸	۱۲۷/۱۳i ± ۰/۲۲
۱٥	*S. italica*	۳/۹۲h ± ۰/۳٦	۱/۲۹f ± ۰/٤۱	٥۷/٦٦h ± ۰/٤٤	۷٤/۱٥i ± ۰/۳٦	۱۳۱/۸۱hi ± ۰/۲۱

در هر ستون میانگین پارامترهای کروموزومی در گونه‌هایی که دارای حروف مشابه می‌باشند در سطح احتمال ۱٪ تفاوت معنی دار ندارند.
(SE: خطای استاندارد)

بحث

در این بررسی از لحاظ تعداد کروموزوم پایه (x = ۹) بین جمعیت‌های مورد بررسی تنوع مشاهده نگردید، اما تحقیقات انجام شده توسط دیگر محققان بیانگر وجود پایه‌های مختلف کروموزومی (x = ۷ – ۱۱) در این جنس می‌باشد (Abha *et al.*, 2003؛ Nadeem *et al.*, 1994). چهار جمعیت گونه ارزن دم روباهی دارای سطح پلوئیدی دیپلوئید (۲n = ۲x = ۱۸) بودند که نتایج حاصل از تحقیقات Nasu و همکاران (۲۰۰۷) و Fukunaga و همکاران (۲۰۰۲) تأییدی بر نتایج این تحقیق می‌باشد. تعداد ۱۱ جمعیت گونه ارزن معمولی از لحاظ سطح پلوئیدی تتراپلوئید (۲n = ٤x = ۳٦) بودند که با گزارش‌های Zuloaga و همکاران (۲۰۰۰) مطابقت دارد.

فرمول کاریوتیپی جمعیت‌های مورد بررسی متفاوت بود، اما بیشتر کروموزوم‌ها متاسانتریک (m) و ساب متاسانتریک (sm) بودند. در مطالعات انجام شده توسط Hamoud و همکاران (۱۹۹٤) روی ژنوتیپ‌های ارزن معمولی مشخص شد که کاریوتیپ همه ژنوتیپ‌ها تقریباً متقارن و بیشتر شامل کروموزوم‌های m و sm بود که با نتایج Zuloaga (۱۹۸۷) همخوانی دارد.

براساس جدول دوطرفه استبینز جمعیت‌های مسجد سلیمان، بادرود، مشهد، اصفهان، شیراز و ماهشهر از گونه

ارزن معمولی در کلاس 2B و تمام جمعیت‌های ارزن دم روباهی در کلاس 1A قرار گرفتند که این موضوع بیانگر کاریوتیپ نسبتاً متقارن جمعیت‌های مورد بررسی است.

فاکتورهای A_1 و TF%، به‌عنوان شاخص‌های متقارن بودن درون کروموزومی هستند که رابطه آنها با هم یک رابطه معکوس است. بنابراین با اندازه‌گیری یکی از دو شاخص فوق، می‌توان به میزان متقارن و نامتقارن بودن کروموزوم‌ها پی برد (جوادی و حسام زاده حجازی، ۱۳۸۷؛ صفری و همکاران، ۱۳۸۷). جمعیت شیراز با داشتن بیشترین مقدار A_1 و کمترین مقدار TF% دارای کاریوتیپ نامتقارن و جمعیت کرمان با داشتن کمترین مقدار A_1 و بیشترین مقدار TF% دارای کاریوتیپ متقارن بودند. روند تغییرات دو شاخص A_2 و DRL به‌عنوان شاخص‌های عدم تقارن بین کروموزومی، یک رابطه خطی و مستقیم است. بیشترین مقدار A_2 در جمعیت ماهشهر و بیرجند دیده شد و جمعیت کرمان نیز با داشتن کمترین مقدار DRL متقارن‌ترین جمعیت بود (شکل ۲). جمعیت بادرود بیشترین میانگین برای طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند و طول بازوی کوتاه کروموزوم را به خود اختصاص داد و با سایر جمعیت‌ها اختلاف بسیار معنی‌داری نشان داد (جدول ۳). جمعیت بیرجند بیشترین مقدار نسبت بازوها (AR) و کمترین مقدار CI را نشان داد (جدول ۳) که این امر بیانگر بالابودن درجه تکاملی جمعیت بیرجند نسبت به سایر جمعیت‌ها می‌باشد.

منابع مورد استفاده

- جوادی، ح. و حسام زاده حجازی، م.، ۱۳۸۷. بررسی سیتوژنتیکی برخی از گونه‌های جنس شبدر (*Trifolium* Spp) در استان آذربایجان شرقی، تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران، ۱٦: ۱۱۵-۱۰٦.
- صفری، ه.، حسام زاده حجازی، م.، جلیلیان، ن. و ضیائی نسب، م.، ۱۳۸۷. بررسی تنوع کاریوتیپی در سه گونه از جنس تلخ بیان (*Sophora* sp.). تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران، ۱٦: ۳٦-۲۷.
- مهری، م.، ۱۳۸۰. مقایسه اثر سطوح جایگزینی ارزن شیراز و مهیار، پایان نامه کارشناسی ارشدعلوم دامی. دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان.
- Abha Jain, S.N., Zadoo, A. K., Roy, P., Kaushal, A. and Malaviya, D.R., 2003. Meiotic System and Probable Basic Chromosome Number of *Panicum maximum* Jacq. Accessions. Cytologia, 68: 1 3-17.
- Agayev, Y.M., 1996. Advanced squash methods for investigation of plant chromosomes, 4th Iranian Congress of Crop Production and Breeding Sciences, Key-note paper, Esfahan University of Technology , Isfahan Iran. 25-27 Aug. pp. 1-20.
- Clayton, W.D. and Renvoize, S.A., 1986. Genera Graminum. Grasses of the World. Kew Bulletin, Additional Series, 13: 1–389.
- Fukunaga, K., Wang, Z., Kato, K. and Kawase, M. 2002. Geographical variation of nuclear genome $RFLP_s$ and genetic differentiation in Foxtail Millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. Genetic Resources and Crop Evolution, 49: 95-101.
- Hammer, K. and Khoshbakht, K., 2007. Foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) in Mazandaran/Northern Iran. Genet Resources Crop Evolution, 54: 907-911.
- Hamoud, M.A., Haroum, S.A., Macleod, R.D., 1994. Cytological relationships of selected species of *Panicum* L. Biologia Plantarum, 36: 37-45.
- Huziwara, Y., 1962. Karyotype analysis in some genera of compositeae. Further studies on the chromosome of Aster. American Journal of Botany, 49: 116-119.
- Levan, A., Fredga, K. and Sandberg, A., 1964. Nomenclature for centromeric. position on chromosome. Hereditas, 52:201-220.
- Nadeem, S.M., Ahsan, A.V. and Ali, S.I., 1994. Chromosome number and Incidence of Polyploidy in Panicoideae (Poaceae) from Pakistan. Annals Of The Missouri Botanical Garden. 81: 775-783.
- Nasu, H., M,A., Yasuda, Y. and He, J., 2007. The occurrence and identification of Foxtail Millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) grains from the Chengtoshan site (ca. 5800 cal B.P.) in central China, with reference to the domestication centre in Asia, Veget Hist Archaeobot. 16: 481-494.

– Romero Zarco, C., 1986. A new method for estimating karyotype asymmetry.Taxon, 35: 526–530
– Stebbins, G.L., 1971. Chromosomal Evolution in Higher Plants. Edward Arnold Publisher Ltd., London. UK. 216 p.
– Vitturi, R., Colomba, M.S., Caputo, V. and Pandolfo, A. 1998. XY chromosome Sex Systems in the Neogastropods *Fasciolaria lignaria* and *Pisania striata* (Mollusca: Prosobranchia), The Journal of Heredity. 89: 538-568.
– Zuloaga, F.O., 1987. Systematics of New World Species of *Panicum* (Poaceae.Paniceae). Smithsonian Institution Press, Washington, D.C., USA, 287–306.
– Zuloaga, F.O., Morrone, O. and Giussani, L., 2000. A cladistic analysis of the Paniceae: a preliminary approach. Commonwealth Scientific and Industrial Research Organization (CSIRO) Publishing, Collingwood, Victoria, Australia, 123–135.

Karyotypic study in several populations of *Panicum miliaceum* L. and *Setaria italica*

M.S. Salamati[1*], H. Zeinali[2] and M. Yosofi[3]

1*- Corresponding auther, M.Sc. Payam Noor University, Isfahan Center,
Email: maryamsalamaty@gmail.com
2- Prof., Esfahan Agricultural and Natural Research Center
3- Asist. Prof., Payam Noor University, Isfahan Center

Received:07 02.2010 Accepted: 12.12.2010

Abstract

The study was carried out on karyotypes of 15 *Panicum miliaceum* L. and *Setaria italica L.* populations. Karyotypic attributes were recorded at metaphase stage of mitotic cells of the populations. Karyotypic parameters, including total length of chromosome, long and short arms length, arm ratio, centromer index, differences between the relative length, intra and inter-chromosomal index and total form percentage were estimated. Analysis of variance using completely randomized design model showed a significant difference (P<%1) among the populations for all of the estimated parameters. Total length of chromosomes varied from 87.3 micrometer in population of Najaf Abad to 238.3 micrometer in population of Badroud. The chromosome number was x = 9 for studied populations. *P. miliaceum* and *S. italica* were tetraploid and diploid, respectively. According to Stebbins classification, most of the populations placed in 1A and 2B class, indicating relative symmetrical karyotype.

Key words: *Panicum miliaceum* L., *Setaria italica* L., karyotype.