دو فصلنامهٔ علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۱٦، شمارهٔ ۱، صفحهٔ ۳٦-۲۷ (۱۳۸۷)

بررسی تنوع کاریوتیپی در سه گونه از جنس تلخ بیان (*Sophora* sp.)

هوشمند صفری[۱]، سید محسن حسام‌زاده حجازی[۲]، نسترن جلیلیان[۱] و مهدی ضیائی‌نسب[۳]

۱- مربی پژوهشی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه، E-mail: hooshmandp@yahoo.com

۲- استادیار پژوهشی، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران.

۳- کارشناس ارشد، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران.

تاریخ دریافت: ۸٦/۵/۲۸ تاریخ پذیرش: ۸٦/۱۰/٤

چکیده

تلخ بیان (*Sophora*) از تیره Fabaceae و گیاهی عموما چند ساله است که به‌دلیل خاصیت دارویی ضد باکتریایی از اهمیت بالایی برخوردار می‌باشد. در این تحقیق از تکنیک تجزیه کاریوتیپی جهت بررسی تنوع در این جنس استفاده شد. برای این منظور، بذرهای شش جمعیت متعلق به سه گونه *Sophora alopecuroides*، *S. mollis* و *S. pachycarpa* کشت گردید و پس از جوانه‌زنی بذرها از مریستم انتهایی ریشه برای مطالعات کاریوتیپی استفاده شد. نتایج نشان داد تعداد کروموزوم پایه در تمام جمعیتهای مورد بررسی x=۹ بود، اما از لحاظ سطوح پلوئیدی گونه *S. mollis* با فرمول کاریوتیپی ۹m دیپلوئید (۲n=۲x=۱۸) و دو گونه *S. pachycarpa* با فرمول کاریوتیپی ۱٦m+۲sm و *S. alopecuroides* با فرمول کاریوتیپی ۱٤m+٤sm، تتراپلوئید (۲n=٤x=۳٦) بودند. براساس جدول دو طرفه Stebbins، همه جمعیتها در کلاس ۱A قرار گرفتند که این امر بیانگر وضعیت تکاملی مشابه و در عین حال ابتدایی در آنها می‌باشد، اما با توجه به میزان شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی، گونهٔ *S. alopecuroides* از نامتقارنترین و در عین حال متکاملترین کاریوتیپ نسبت به دو گونهٔ دیگر برخوردار بود. در حالی‌که گونه *S. mollis* متقارنترین و ابتدایی‌ترین کاریوتیپ را نشان داد. تجزیه واریانس داده‌های حاصل از اندازه‌گیری کلیه صفات مورد مطالعه در قالب طرح کاملا تصادفی نامتعادل نشان داد که بین جمعیت‌ها اختلاف معنی‌داری در سطح ۱٪ وجود داشت که این امر مؤید وجود تنوع کروموزومی در جمعیت‌های مورد بررسی است. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اول و دوم در مجموع بیش از ۹۹ درصد از کل تنوع موجود بین جمعیت‌ها را توجیه نمودند. بر این اساس، در مؤلفه اول صفات TL و LA بیشترین نقش را در تشکیل این مؤلفه داشتند. در مؤلفه دوم نیز صفات SA، CI و AR از بیشترین سهم در تشکیل این مؤلفه برخوردار بودند. در تجزیه کلاستر (UPGMA) بر اساس صفات کروموزومی، دو جمعیت از گونه *S. pachycarpa* و جمعیت S.T از گونه *S. alopecuroides* گروه اول، جمعیت‌های S.K و ۱۰٤۲۳ از گونه *S. alopecuroides* گروه دوم و جمعیت ٤۵۱۲ از گونه *S. mollis* گروه سوم را به خود اختصاص دادند.

واژه‌های کلیدی: تلخ بیان، کاریوتیپ، کروموزوم و تجزیه‌های چند متغیره.

مقدمه

جنس تلخ بیان (*Sophora*) از تیره Fabaceae، گیاهی عموما چند ساله است که در ایران ۳ گونه گیاه علفی و درختچه‌ای وجود دارد و تا بحال ۱۸۷ گونه از آن در دنیا گزارش شده است. خاصیت دارویی و تعدد گونه‌ها، اهمیت مطالعه تنوع در این جنس را افزایش می‌دهد که برای این منظور استفاده از مطالعات کروموزومی به‌عنوان یکی از ابزارهای بررسی تنوع، می‌تواند بسیار مفید باشد. در بیان اهمیت مطالعات کاریوتیپی یادآوری این نکته لازم است که مورفولوژی کروموزوم می‌تواند به‌عنوان یکی از مفیدترین معیارها جهت بررسی روابط تاکسونومیکی باشد (Stebbins, 1971). همچنین بحث تقارن کاریوتیپ که یکی از فاکتورهای مهم در مطالعه تکامل گونه‌هاست ریشه در انجام مطالعات کروموزومی دارد. به منظور درک اهمیت عدم تقارن کاریوتیپ، بایستی ارتباط بین افزایش یا کاهش عدم تقارن کروموزومی، با سایر صفات (صفات سلولی مانند عدد کروموزومی و صفات مورفولوژیک مانند رشد یکساله یا چند ساله و وجود یا عدم وجود ویژگیهای مشخص مورفولوژیکی) مورد بررسی قرار گیرد. با توجه به اهمیت مطالعات کاریوتیپی، در دنیا شمارش کروموزومی بر روی حدود ۳۰ گونه از این جنس انجام شده که براین اساس اعداد پایه کروموزومی متفاوتی گزارش شده است (Goldblatt & Johnson, 1998). بعضی از محققان بر این اعتقادند که ویژگیهای کاریوتیپی در جنس تلخ بیان برای رده‌بندی گونه‌های آن مفید می‌باشد، زیرا هم در فرمول کاریوتیپی و هم در ساختمان ثانویه کروموزوم‌ها تنوع مشاهده می‌گردد. این محققان با مطالعه کروموزومی ۸ گونه از این جنس، عدد پایه کروموزومی x=۹ را برای تمامی گونه‌ها گزارش نمودند (Stiefkens *et al*., 2003). تعیین فرم کاریوتیپ، سطوح پلوئیدی و عدد کروموزومی جمعیت‌های مورد مطالعه، همچنین یافتن فاصله اقلیدسی، قرابت و خویشاوندی بین آنها از طریق روشهای آماری تجزیه چند متغیره، از عمده‌ترین اهدافی است که در این تحقیق دنبال شده است.

مواد و روشها

ژرم پلاسم مورد استفاده در این بررسی، شامل شش جمعیت متعلق به سه گونه از جنس *Sophora* بود (جدول ۱) که بذرهای آنها پس از خراشدهی، تحت شرایط کنترل شدهٔ دمای ۲۰ درجه سانتیگراد، رطوبت ۷۰ درصد و دوره نوری ۱۲ ساعت کشت گردید. پس از جوانه‌زنی، زمانی‌که طول ریشه‌چه به اندازه مناسب (۰/۵ تا ۱ سانتیمتر) جهت نمونه‌گیری رسید، پس از قطع ریشه‌چه به‌ترتیب عمل پیش تیمار (با استفاده از محلول ۰/۵ درصد آلفا برومونفتالین اشباع در آب، در دمای ٤ درجه سانتیگراد به مدت ٤ ساعت)، عمل تثبیت (با استفاده از محلول لویتسکی (Levitsky)، در دمای ٤ درجه سانتیگراد به مدت ١٦ ساعت) عمل هیدرولیز (در دمای ٦٠ درجه سانتیگراد به مدت ۷ دقیقه با استفاده از محلول ۱ نرمال NaOH) و رنگ‌آمیزی نمونه‌ها (با استفاده از رنگ هماتوکسیلین) انجام شد و پس از تهیه اسلاید از منطقه مریستمی ریشه، تصاویر کروموزومی با استفاده از سیستم آنالیز تصویری و با بزرگنمایی x ۱۷۷۵تهیه گردید. حداقل سه سلول متافازی مناسب (تکرار) جهت اندازه‌گیری عاملهای کروموزومی انتخاب شد و پس از تهیه کاریوتیپ با استفاده از نرم افزار Micromeasure، صفات طول کل کروموزوم (TL)، طول بازوی بلند (LA)، طول بازوی

کوتاه (SA)، نسبت بازوها (Arm ratio:L/S) و شاخص سانترومری (CI) که بیانگر نسبت بازوی کوتاه به طول کل کروموزوم است، محاسبه گردید. در این بررسی برای تعیین وضعیت تکاملی و مطالعه تقارن کاریوتیپی جمعیتهای مورد مطالعه، از جدول دو طرفه Stebbins استفاده شد (Stebbins, 1971) و عاملهای اختلاف درصد طول نسبی بزرگترین و کوچکترین کروموزوم (DRL)، شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A_1)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A_2) (Romero Zarco, 1986) و درصد شکل کلی (%TF) (Huziwara, 1962) محاسبه گردید. برای تعیین نوع کروموزومها نیز از روش Levan استفاده شد (Levan *et al*., 1964).

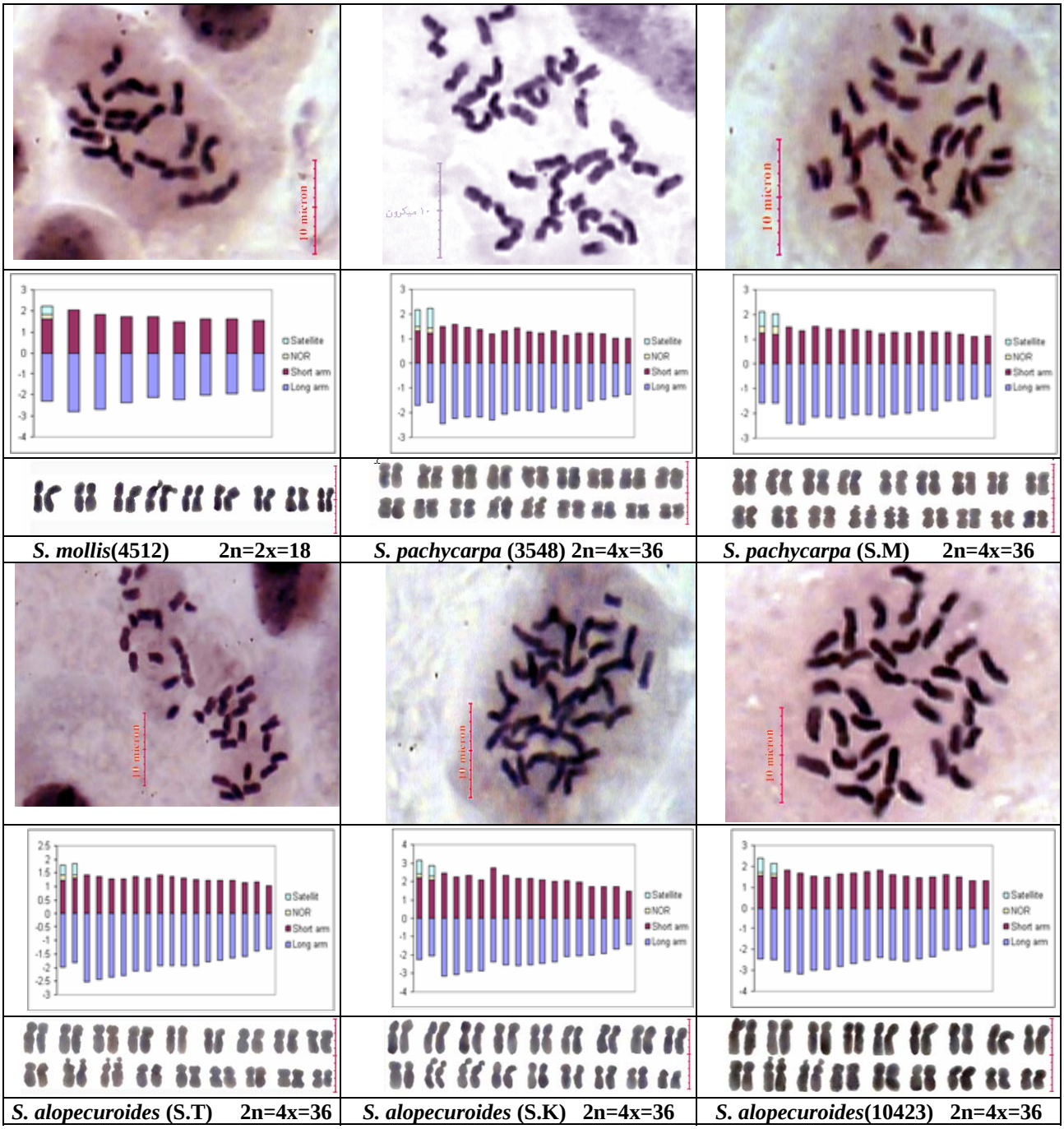
به‌منظور تجزیه آماری داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات کروموزومی، تجزیه واریانس در قالب طرح کاملا تصادفی نامتعادل (با حداقل ۳ تکرار) و مقایسه میانگینها با استفاده از آزمون چند دامنه‌ای دانکن (در سطح احتمال ۱٪) انجام شد. برای تعیین سهم هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در ایجاد تنوع بین جمعیتها نیز، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و برای گروه‌بندی آنها تجزیه کلاستر (UPGMA) براساس صفات کاریوتیپی انجام گردید. تجزیه آماری داده‌ها توسط نرم افزارهای Excel، JMP، SPSS و MSTATC انجام شد.

جدول ۱- فهرست جمعیتهای انتخابی جهت مطالعات کاریوتیپی

محل دریافت یا جمع‌آوری	کد	جمعیت
بانک ژن منابع طبیعی	10423	***S. alopecuroides***
کرمانشاه	S.K	***S. alopecuroides***
تبریز	S.T	***S. alopecuroides***
بانک ژن منابع طبیعی	3548	***S. pachycarpa***
مشهد	S.M	***S. pachycarpa***
بانک ژن منابع طبیعی	4512	***S. mollis***

نتایج

سلول متافازی، کاریوتیپ و آیدیوگرام جمعیتهای مورد بررسی، در شکل ۱ و عاملهای تقارن کاریوتیپی در جدول ۲ ارائه شده است. بر این اساس، به استثناء گونه دیپلوئید *S. mollis*، دو گونهٔ دیگر تتراپلوئید بودند. تعداد کروموزوم پایه در تمامی گونه‌های مورد مطالعه x=۹ بود. در هر گونه، یک یا دو ماهواره مشاهده گردید. فرمول کاریوتیپی ۱۶m+۲sm برای گونه *S. Pachycarpa*، ۹m برای گونه *S. mollis* و ۱۴m+۴sm برای گونه *S. alopecuroides* تعیین گردید. براساس جدول دوطرفه Stebbins، تمامی جمعیتها در کلاس 1A قرار گرفتند و در دیاگرام حاصل از پراکنش جمعیتها براساس مقادیر A_1 و A_2 جمعیتهای مورد بررسی در سه گروه کاملا مجزا قرار گرفتند (شکل ۲).



شکل ۱- سلولهای متافازی، کاریوتیپ و آیدیوگرام جمعیتهای مورد بررسی

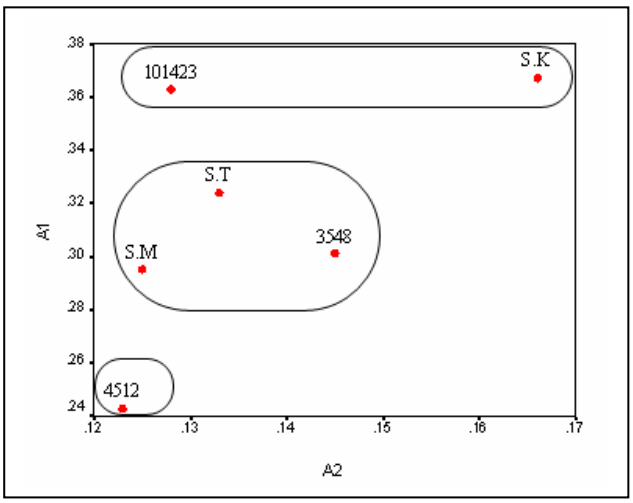
جدول ۲- عاملهای تقارن (تکامل) کاریوتیپی جمعیتهای مورد بررسی

جمعیت	۲n	A_1	A_2	SC	DRL	%TF	K.F
***S. pachycarpa* (S.M)**	٤x=٣٦	٠/٢٩٥	٠/١٢٥	١A	٢/٤٥	٤٠/٠٨	١٦m+٢sm
***S. pachycarpa* (3548)**	٤x=٣٦	٠/٣٠١	٠/١٤٥	١A	٢/٧٨	٣٩/٦٩	١٦m+٢sm
***S. mollis* (4512)**	٢x=١٨	٠/٢٤٣	٠/١٢٣	١A	٤/٢١	٤٢/٣٨	٩m
***S. alopecuroides* (10423)**	٤x=٣٦	٠/٣٦٣	٠/١٢٨	١A	٢/٤٦	٣٧/٨٨	١٤m+٤sm
***S. alopecuroides* (S.K)**	٤x=٣٦	٠/٣٦٧	٠/١٦٦	١A	٣/٣٨	٣٧/٦٢	١٤m+٤sm
***S. alopecuroides* (S.T)**	٤x=٣٦	٠/٣٢٤	٠/١٣٣	١A	٢/٧٢	٣٩/٣٢	١٤m+٤sm

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

(Inter asymmetry chromosomal index) =A_2: 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



شکل ۲- دیاگرام حاصل از پراکنش جمعیتها براساس مقادیر A_1 و A_2

نتایج حاصل از تجزیه واریانس داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات کروموزومی نشان داد که بین جمعیتها از لحاظ کلیه صفات کروموزومی اختلاف معنی‌داری در سطح ۱٪ وجود داشت (جدول ۳) که این امر بیانگر وجود تنوع کروموزومی در ژرم پلاسم مورد بررسی می‌باشد.

جدول ۳- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات کاریوتیپی، در جمعیتهای مورد مطالعه

منابع تغییرات	درجه آزادی	TL	LA	SA	AR	CI
جمعیت	۵	۰/۵٦۲**	۰/۲۲۱**	۰/۱۱۰**	۰/۰۳۹**	۰/۰۰۱**
خطا	١٤	۰/۰۸۲	۰/۰۲٦	۰/۰١٤	۰/۰۰٦	۰/۰۰۰۱
ضریب تغییرات (%CV)		۷/۸۰	۷/۵۹	۸/۰٦	۵/۰۸	۲/۹۳

** میانگین مربعات تیمار در سطح ۱٪ معنی‌دار است.

در مقایسه میانگینها، روند خاصی در میانگین صفات برای گروه‌بندی جمعیتها مشاهده شد، به این ترتیب که برای صفات TL، LA و SA جمعیتهای S.K، ۱۰٤۲۳ و ٤۵۱۲ با بیشترین میانگین در گروه a و ab قرار گرفتند. در حالی‌که سایر جمعیتها گروه b را به خود اختصاص دادند. از لحاظ صفت AR و CI نیز جمعیت ٤۵۱۲ از یک سو و جمعیتهای ۱۰٤۲۳ و S.K از سوی دیگر با قرار گرفتن در گروههای جداگانه اختلاف زیادی را نشان دادند (جدول ٤).

جدول ٤- مقایسه میانگین صفات کاریوتیپی در جمعیتهای مورد بررسی، به روش دانکن در سطح ۱٪

جمعیت	TL	LA	SA	AR	CI
***S. pachycarpa* (S.M)**	۳/۲۸ b	۱/۹۰ b	۱/۳۱ b	۱/٤۵ ab	۰/٤۲ ab
***S. pachycarpa* (3548)**	۳/۲٤ b	۱/۸۷ b	۱/۲۸ b	۱/٤۵ ab	۰/٤۲ ab
***S. mollis* (4512)**	۳/۹۸ a	۲/۲۵ ab	۱/٦۹ a	۱/۳٤ b	۰/٤۳ a
***S. alopecuroides* (10423)**	٤/۱۳ a	۲/۵۰ a	۱/۵٦ ab	۱/٦۰ a	۰/۳۹ b
***S. alopecuroides* (S.K)**	۳/۸۸ ab	۲/۳۵ a	۱/٤٦ ab	۱/٦۱ a	۰/۳۹ b
***S. alopecuroides* (S.T)**	۳/۲۵ b	۱/۹۳ b	۱/۲۷ b	۱/۵۰ ab	۰/٤۱ ab

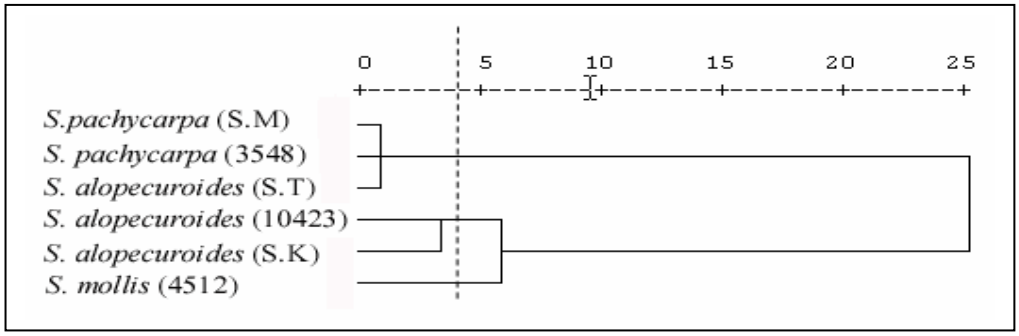
جهت تعیین سهم هر یک از صفات کاریوتیپی در ایجاد تنوع بین جمعیتها، تجزیه به مؤلفه های اصلی انجام شد (جدول ۵). بر این اساس، دو مؤلفه اول و دوم در مجموع بیش از ۹۹ درصد از کل تنوع موجود بین جمعیتها را توجیه نمودند. مقادیر ضرایب بردارهای ویژه در مؤلفه اول نشان داد که صفات TL و LA بیشترین نقش را در تشکیل این مؤلفه داشتند، در حالی‌که در مؤلفه دوم صفات SA، CI و AR بیشترین سهم را در تشکیل این مؤلفه به خود اختصاص دادند.

جدول ۵- مقادیر ویژه، درصد واریانس و ضرایب بردارهای ویژه ۲ عامل اصلی حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

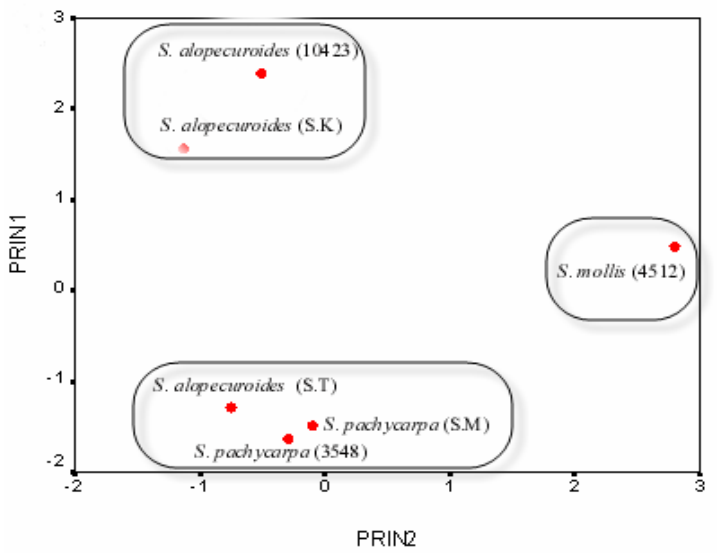
صفات	مؤلفه۱	مؤلفه۲
TL	۰/۵۵۱	۰/۲۱٤
LA	۰/۵۷۷	۰/۰۵۸
SA	۰/٤۱۵	۰/٤٦٤
CI	-۰/۲۷۰	۰/٦۲۱
AR	۰/۳۱۵	-۰/۵۹۰
مقادیر ویژه	۲/۹۷۸	۲/۰۱٦
درصد واریانس	۵۹/۵۷٤	٤۰/۳۲۲
درصد واریانس تجمعی	۵۹/۵۷٤	۹۹/۸۹۷

* اعدادی که در زیر آنها خط کشیده شده است ارزش بیشتری در مؤلفه‌های اصلی دارند.

در تجزیه کلاستر، با برش دندروگرام در فاصله اقلیدسی٤، جمعیتهای مورد بررسی در سه گروه مجزا قرار گرفتند، به طوری‌که دو جمعیت S.M و ۳۵٤۸ از گونه *S. pachycarpa* و جمعیت S.T از گونه *S. alopecuroides* که در جدول مقایسه میانگینها در همه موارد در یک گروه بودند، یک کلاس جداگانه (کلاس۱) را بخود اختصاص دادند. همچنین جمعیتهای S.K و ۱۰٤۲۳ متعلق به گونه *S. alopecuroides* و جمعیت ٤۵۱۲ از گونه *S. mollis*، به ترتیب در کلاسهای دوم و سوم قرار گرفتند (شکل ۳). نمودار پراکنش جمعیتها بر اساس مقادیر مؤلفه اول و دوم نیز در شکل ٤ ارائه شده است که مؤید نتایج حاصل از تجزیه کلاستر می‌باشد.



شکل ۳- دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر به روش UPGMA، براساس۵ صفت کاریوتیپی



شکل ٤- دیاگرام پراکنش جمعیتها بر اساس دو مؤلفه اصلی حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی

بحث

در این بررسی از لحاظ تعداد کروموزوم پایه (x=۹)، بین جمعیت‌های مورد بررسی، تنوعی مشاهده نگردید، اما تحقیقات انجام شده توسط دیگر محققان بیانگر وجود پایه‌های کروموزومی ۸، ۹ و ۱۱ در این جنس می‌باشد (Goldblatt, 1981). Stiefkens و همکاران (۲۰۰۳) نیز با مطالعه کروموزومی ۸ گونه از این جنس، عدد پایه کروموزومی x=۹ را برای تمامی گونه‌ها گزارش نمودند. از نظر تعداد ماهواره و موقعیت قرار گرفتن آن بر روی کروموزومها نیز، تنوع بین گونه‌ای مشاهده گردید. فرمول کاریوتیپی گونه‌های مورد بررسی متفاوت بود، اما بیشتر کروموزومها متاسنتریک و تعداد کمی ساب متاسنتریک بودند. Kawakami (۱۹۳۰)، Komada (۱۹۸۹)، Hsu و Hung (۱۹۸۵)، Tian و همکاران (۱۹۹۳)، Stiefkens و همکاران، (۲۰۰۳) و Kumari و Bir (۱۹۹۰) با ارائه مقالاتی نسبت به تجزیه کاریوتیپ گونه‌های مختلف جنس *Sophora* گزارش نمودند که کاریوتیپ این گونه‌ها از تعدادی کروموزوم متاسنتریک و تعداد کمی کروموزوم ساب متاسنتریک تشکیل شده است. همچنین Bairiganjan و Patnaik (۱۹۸۹) و Kumari و Bir (۱۹۹۰) نیز بیان داشتند در زیر خانوادهٔ Papilionoideae کروموزومهای ساب تلوسانتریک بسیار کمیاب و کروموزومهای تلوسانتریک هرگز مشاهده نشده است. Stiefkens و همکاران (۲۰۰۱) نیز با مطالعه گونهٔ *S. fernandeziana* کاریوتیپ تقریبا متقارنی را گزارش نمودند، که بر اساس جدول دوطرفه Stebbins در کلاس 1A قرار داشت، بنابراین گرایش به متقارن بودن کروموزومها در تمامی گونه‌های جنس تلخ بیان مشاهده می‌گردد که با نتایج این تحقیق سازگاری دارد.

استقرار کلیه جمعیتهای مورد بررسی در کلاس 1A از جدول دو طرفه Stebbins، بیانگر وضعیت تکاملی مشابه و در عین حال ابتدایی در آنها می‌باشد، اما با توجه به میزان شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی، گونهٔ *S. alopecuroides* دارای کاریوتیپ نامتقارنتر و متکاملتری نسبت به دو گونهٔ دیگر بود و گونه *S. mollis* از متقارنترین و در عین حال ابتدایی‌ترین کاریوتیپ برخوردار بود. دیاگرام پراکنش جمعیتها براساس دو عامل A_1 و A_2 نیز مؤید این

مطلب می‌باشد، زیرا بر این اساس جمعیتها در سه گروه متمایز قرار گرفته‌اند.

همچنان که ملاحظه می‌گردد جمعیتهای مربوط به گونه‌های مورد مطالعه، کاملا از هم تفکیک نشده‌اند، با این توضیح که جمعیت S.T از گونهٔ *S. alopecuroides* در بین جمعیتهای مربوط به گونهٔ *S. pachycarpa* قرار گرفت. بنابراین هرچند که از نظر جدول دوطرفه Stebbins تنوع برای گونه‌ها و جمعیتها مشاهده نگردید، اما با توجه به پارامترهای A_1 و A_2 برای گونه‌ها و جمعیتهای گونهٔ *S. alopecuroides* تنوع مشاهده شد. بر اساس دیاگرام، گونهٔ *S. mollis* کاریوتیپ متقارنتری نسبت به بقیهٔ گونه‌ها داشت و گونهٔ *S. alopecuroides* دارای نامتقارنترین کاریوتیپ بود، هر چند که جمعیت S.T از این گونه تقارن کاریوتیپی متوسطی داشت و با گونهٔ *S. pachycarpa* هم گروه شد. نتایج حاصل از مقایسه میانگینها برای صفات نشان داد که طول کروموزومها تنوع درون گونه‌ای و بین گونه‌ای دارند، اما مانند صفات نسبتهای طول کروموزومی (CI و AR) این تنوع با نتایج حاصل از پارامترهای تقارن درون کروموزومی و بین کروموزومی منطبق نمی‌باشد. این امر به این دلیل است که ماهیت صفات CI وAR به تقارن یا عدم تقارن کروموزومها بستگی دارد و هرچه AR بزرگتر و CI کوچکتر باشد، عدم تقارن نیز بیشتر است.

با توجه به نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و گروه‌بندی صفات بر اساس تجزیه کلاستر و همچنین نتایج حاصل از مقایسه میانگین صفات در بین گونه‌های مورد مطالعه تنوع بین گونه‌ای و همچنین در بین جمعیتهای گونه *S. alopecuroides* تنوع درون گونه‌ای برای صفات مورد بررسی مشاهده شد.

فهرست منابع مورد استفاده

Bairiganjan, G. G. and Patnaik, S. N., 1989. Chromosomical evolution in fabaceae. Cytologia, 54: 51-64

Goldblatt, P., 1981. Cytology and the phylogeny of Leguminosae. *In*: Polhill, R. M. and Raven, P. H., Advances in legume systematics, part 2. Kew, Royal Botanic Gardens, pp: 427-463.

Goldblatt, P. and Johnson, D. E., 1998. Index to plant chromosome numbers. 1994-1995. Monographs in Systematic Botany, Missouri Botanical Garden, 69:1-208.

Hsu, P. and Hung, S., 1985. Karyotype of *Sophora Flavesens*. Ait, bulletin of Botanical Research from NE forestry College (Harbin), 5: 123-126.

Huziwara, Y., 1962. Karyotype analysis in some genera of compositeae. VIII Further studies on the chromosome of Aster. Amer. J. Bot, 49: 116-119.

Kawakami, J., 1930. Chromosome number in leguminosae. Botanical Magazine. Tokyo, 44: 319-328.

Komada, A., 1989. Karyotype analysis of chromosomes in eighteen species belonging to nine tribes in legominosae. Bulletin of the Hiroshima Agricultural College, 8: 691-706.

Kumari, S. and Bir, S. S., 1990. Karyomorphological evolution in Papilionaceae. Journal of Cytologe and Genetics, 25: 173-219.

Levan, A., Fedga, K. and Sandberg, A., 1964. Nomenclature for centrometric position on chromosomes. Hereditas, 52: 201-220.

Levitsky, G. A., 1931. The morphology of the chromosome, The karyotype in systematic. Bull. Appl. Bot. Genet. Pl Breed, 27: 19-173.

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, London.

Stiefkens, L. B., Bernardello, G and Anderson, G. J., 2001. The somatic chromosomes of *Sophora fernandeziana* (Fabaceae), an endemic tree from Robinsin Crusoe Island. Pacific Science, 55:71-75.

Stiefkens, L. B., Bernardello, G. and Anderson, G. J., 2003. The karyotype of *Sophora tetrapetra* (Fabaceae). New Zealand Journal of Botany, 41: 731-735.

Tian, X., Zhu, B., Xiao, Y., Liu, Q. and Zhao, G., 1993. On the karyotypes of five species of Legominosae. Journal of the Shaanxi Normal University, Natural Sciences, 21: 62-65.

Study of karyotypic variation on six different populations in three *Sophora* L. species

H. Safari[1], S.M. Hesamzadeh Hejazi[2], N. Jalilian[3] AND M. Ziaeinasab[1]

1- Center of Agricultural Research and Natural Resources of Kermanshah Province, E-mail: hooshmandp @yahoo.com
2- Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran.
4- Center of Agricultural Research and Natural Resources of Kermanshah Province
3- Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran.

Abstract

Sophora L. (Fabaceae) is a perennial plant and its roots reportedly have antibacterial properties. In this study, we examined 6 populations, representing 3 species, including *Sophora alopecuroides* (S.T, S.K and 10423), *S. mollis* (4512) and *S. pachycarpa* (S.M, 3548). Mitotic chromosomes were studied in meristematic cells of root tips obtained from germinated seeds. The basic chromosome number was x=9 in all of the populations, but their ploidy level varied. According to Stebbins' categories, all of the populations placed in symmetric class of 1A, indicating a symmetric karyotype. Based on inter and intra chromosomal variations, *S. pachycarpa* had the most asymmetric and evolutionary karyotypes and *S. mollis* had the most symmetric karyotypes. Analysis of variance based on unbalanced completely randomized design showed a significant difference (P<%1) among the populations for all of the traits. Using principal components analysis, the first two components justified %99.897 of the total variance. For the first component, the length of long arm and total length of chromosome, with the highest coefficients of eigen vectors, were the most important traits. For the second component, the arm ratio, centromer index and the length of short arm had the most important role for total variation. Cluster analysis (UPGMA methods) classified the populations into three groups. The populations S.M, 3548 and S.T classified to first class and S.K and 10423 stand to second class. Also the population 4512 was grouped to third class. The diagram of the populations dispersion, based on two first components, the populations were grouped in three separated classes, which agrees with the results of cluster analysis.

Key words: Cluster analysis, Fabaceae, karyotype, principal components analysis and *Sophora* L.