جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

بررسی خصوصیات کروموزومی و کاریوتیپ در گونهٔ گون مرتعی *Astragalus cyclophyllus* G.beek.

فهیمه معظم[۱]، آقا فخر میرلوحی[۲*] و مهدی بصیری[۳]

تاریخ دریافت: ۸۹/۸/۲۰ – تاریخ پذیرش: ۹۰/۲/۲۰

چکیده

گون مرتعی *Astragalus cyclophyllus* گیاهی است چندساله، از خانوادهٔ بقولات که برای تعلیف دام بسیار خوشخوراک بوده و زنبور عسل از شهد گلهای آن به‌خوبی استفاده می‌کند. این پژوهش به‌منظور بررسی خصوصیات کروموزومی گون مرتعی و تهیهٔ کاریوتیپ آن اجرا شد. به همین منظور سه تودهٔ گون مرتعی از مناطق مختلف استان اصفهان جمع‌آوری و مطالعات سیتوژنتیک بر روی آنها انجام شد. مطالعات سیتوژنتیک شامل جوانه‌دار کردن بذور، پیش تیمار، تثبیت، هیدرولیز، رنگ‌آمیزی کروموزوم‌ها و تهیه نمونه بود که منجر به تهیهٔ کاریوتیپ و آیدیوگرام توده‌ها شد. نتایج شمارش کروموزومی نشان داد که توده‌های گون مرتعی تتراپلوئید و دارای ۳۲ کروموزوم بود که با مطالعات قبلی در مورد گونه‌های دیگر این جنس مطابقت داشت. بر اساس نتایج مشخصات کاریوتیپ و دسته‌بندی کاریوتیپ‌ها به روش استبینز، تودهٔ گون مرتعی منطقهٔ حنا و دره حوض در دسته کاریوتیپی ۲A و تودهٔ گون مرتعی منطقهٔ روستای سیبک در دسته کاریوتیپی ۱A که از تقارن کاریوتیپی بیشتری برخوردار است، جای گرفتند. با بررسی ویژگی‌های ضریب تغییرات طول کروموزوم، درصد کل فرم، طول نسبی کوتاهترین کروموزوم، اندیس نامتقارن بودن درون کروموزومی، اندیس نامتقارن بودن بین کروموزومی و دامنهٔ طول نسبی مشخص شد که تودهٔ گون مرتعی حنا دارای تقارن درون کروموزومی بیشتر و تودهٔ گون مرتعی روستای سیبک دارای تقارن بین کروموزومی بیشتری است. بر این اساس می‌توان نتیجه‌گیری کرد که توده‌های گون، تنوع کروموزومی قابل توجهی دارند.

واژه‌های کلیدی: متافاز، کاریوتیپ، عدد کروموزومی، *Astragalus cyclophyllus*.

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد مرتع‌داری دانشکدهٔ منابع طبیعی، دانشگاه صنعتی اصفهان
۲- استاد دانشکدهٔ کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان
*: نویسندهٔ مسئول: mirlohi@cc.iut.ac.ir
۳- دانشیار دانشکدهٔ منابع طبیعی، دانشگاه صنعتی اصفهان

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

مقدمه

گون مرتعی *Astragalus cyclophyllus* گیاهی است چندساله از خانوادهٔ پروانه آسا، برای تعلیف دام بسیار خوش‌خوراک بوده و گیاهخواران حیات‌وحش نسبت به آن علاقه وافری نشان می‌دهند (۸). رویشگاه آن در ایران در استان‌های همدان، کردستان، کرمانشاه، اصفهان، چهارمحال و بختیاری، کهکیلویه و بویراحمد، فارس، مرکزی و لرستان قرار دارد (۱۵ و ۱۶). تولید علوفهٔ این گیاه بسیار خوب بوده و زنبورداران این گونه را برای تهیهٔ عسل بسیار مفید می‌دانند. با این وجود و با توجه به اینکه این گونه در ایران از نظر خطر انقراض گونه‌ای آسیب‌پذیر معرفی شده است (۷). ولی پژوهش‌های اصلاحی و ژنتیکی بر روی آن صورت نگرفته است و توده‌ها و جمعیت‌های موجود آن از نظر ساختار ژنومی ناشناخته باقی مانده‌اند. مطالعات سیتوژنتیک امکان شناخت بهتر جمعیت‌های این گیاه مرتعی و بومی را فراهم خواهدکرد. شکل، اندازه، تعداد و ساختمان درونی و بیرونی کروموزوم از اختصاصات کروموزومی هستند که از آنها در مطالعه ژنوم گیاهان استفاده می‌شود. کاریوتیپ[1] مجموعه‌ای از اختصاصات مربوط به دو شاخص شکل و تعداد کروموزوم است که برای تشخیص گونه‌ها استفاده می‌شود. مورفولوژی کروموزوم‌های افراد هر گونه ثابت است، مگر اینکه نقص کروموزومی در فردی دیده شود (۲۲). گون از جنس‌های با ارزش مرتعی و علوفه‌ای است که در جهان تنوع قابل توجهی دارد. گون بزرگترین جنس از خانوادهٔ Fabaceae است که تقریباً با داشتن ۳۰۰۰ گونه در ۱۵۰ بخش گروهبندی شده است (۱ و ۲). مطالعهٔ روابط خویشاوندی در گونه‌های جنس گون، موضوعی است که در سیستماتیک کلاسیک مورد توجه واقع شده‌است، ولی به‌دلیل تعداد و شباهت‌های زیاد مورفولوژیک لازم است که این روابط با در نظر گرفتن ویژگی‌های کروموزومی بررسی شود. بررسی ویژگی‌های کروموزومی امکان فهم روابط خویشاوندی را برای این جنس فراهم می‌کند (۲۳). کاریوتیپ مانند دیگر ویژگی‌های سیستماتیک قابل تغییر است ولی به‌طور کلی می‌تواند مشخص‌کننده گونه‌ها و حتی جنس‌ها باشد و در بررسی تکامل موجودات و طبقه‌بندی آنها مفید باشد (۶). در بررسی‌های انجام شده بر روی جنس گون تعداد کروموزوم‌های تقریباً ۴۰۰ گونه از این جنس گزارش شده‌است که عدد پایه کروموزومی در این گونه‌ها متفاوت بوده است. به‌عنوان مثال در بررسی‌های کاریوتیپی گونه‌های مختلف از این جنس عدد پایه کروموزومی برابر x =۶ در گونهٔ *A. boeticus*، x =۷ در گونهٔ *A. vogelii*، x =۸ در گونهٔ *A. hamosus* گزارش شده است (۲، ۳، ۱۲ و ۱۳). وجود اختلافات در شکل و اندازهٔ کروموزوم‌ها در مراحل تقسیم میتوز و نیز رفتار کروموزوم‌ها در مراحل تقسیم میوز بیانگر وجود تنوع ژنتیکی است (۴). کاریوتیپ هر موجود براساس ویژگی‌های مورفولوژیک کروموزوم‌ها تعیین می‌شود که این ویژگی‌ها شامل طول کروموزوم‌ها، موقعیت سانترومر، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه، در صورت وجود مکان فرورفتگی ثانویه، طول نسبی کروموزوم و شاخص سانترومری است و خصوصیات کاریوتیپ که شامل شکل کلی کاریوتیپ، طول نسبی کوتاهترین کروموزوم، ضریب تغییرات، شاخص عدم تقارن درون کروموزومی و شاخص عدم تقارن بین کروموزومی است. مکان سانترومر با روش‌های مختلفی محاسبه می‌شود. اگر طول کلی کروموزوم با T و طول بازوی بلند و کوتاه بترتیب با L و S نشان داده شود (T=L+S). نسبت طول بازوی بلند به کوتاه (l/s) و نسبت طول بازوی کوتاه به بلند (s/l) که هرچه این نسبت در کاریوتیپ بیشتر باشد اختلاف بین اندازه بازوهای کروموزوم در کاریوتیپ بیشتر است. شکل کلی کاریوتیپ (٪TF)، این پارامتر به عنوان شاخصی برای دسته‌بندی کاریوتیپی استفاده می‌شود. درصد فرم، شاخصی برای وضعیت تقارن محسوب می‌شود. رسیدن این شاخص به ۵۰ درصد نشان‌دهندهٔ قرار گرفتن سانترومرها در وسط کروموزوم می‌باشد (۲ و

1- Karyotype

جهت تهیه فایل WORD این مقاله به سایت DaneshResan.com مراجعه نمایید و عنوان مقاله را جستجو کنید
بیش از ۲ میلیون مقاله فارسی در این سایت موجود میباشد

۵). طول نسبی کوتاهترین کروموزوم[1] (S٪)، برای مطالعه وضعیت تقارن کاریوتیپ استفاده می‌شود. به این معنی که هر قدر طول نسبی کوتاهترین کروموزوم بیشتر باشد، تفاوت بین اندازهٔ کروموزوم‌ها کمتر است. در دسته‌بندی رومروزارکو[2] علاوه بر اندازه‌گیری کمّی از نمودار نیز استفاده می‌شود. طبق این روش، درجهٔ تقارن براساس نسبت بین بازوهای کروموزومی و طول بازوها برای هرگونه به‌دست می‌آید. در این رابطه، شاخص نامتقارن‌بودن درون کروموزومی، A_1 است که محدودهٔ آن بین صفر تا یک است. شاخص نامتقارن‌بودن بین کروموزومی، A_2 به اندازه و تعداد کروموزوم بستگی ندارد و در واقع همان ضریب تغییرات[3] است که برای طول کروموزوم محاسبه می‌شود (۱۷ و ۲۰). یکی از روش‌های بررسی تنوع در ارقام و گونه‌های مختلف گیاهی، انجام مطالعات سیتوژنتیک وکاریوتیپ آنهاست. بدیهی است گونه‌هایی که از لحاظ پارامترهای سیتوژنتیک و خواص کروموزومی به هم شبیه‌اند، در بحث روابط بین گونه‌ای قرابت بیشتری داشته و در صورت وجود صفات مطلوب در این گونه‌ها امکان تلاقی بین گونه‌ای برای جمع‌آوری ژن‌های مطلوب در این گونه وجود خواهد داشت. این یافته‌ها می‌توانند در حفاظت، زراعی‌کردن و برنامه‌های اصلاحی این گونه کاربرد داشته باشد. در این مطالعه سعی شده با بررسی کروموزوم‌های سه تودهٔ گون و شمارش آنها، ضمن تهیه کاریوتیپ و آیدیوگرام[4] پارامترهای مختلف کاریوتیپ تعیین و با استفاده از عوامل مختلف میزان تقارن کاریوتیپ و تکامل گونه مشخص شود.

مواد و روش‌ها

سه تودهٔ گون مرتعی در این تحقیق مورد بررسی قرار گرفت. این توده‌ها از مناطق مختلف استان اصفهان به ترتیب تودهٔ شمارهٔ یک از روستای سیبک در شهرستان فریدونشهر، تودهٔ شمارهٔ ۲ از منطقهٔ حنا در شهرستان سمیرم و تودهٔ شمارهٔ ۳ از منطقهٔ دره حوض در شهرستان بوئین جمع‌آوری شدند. برای تهیهٔ کاریوتیپ از مریستم نوک ریشه استفاده شد. آزمایش‌های مقدماتی بر روی بذرهای گون مرتعی نشان داد، بذرهای این گونه به راحتی جوانه نمی‌زنند، بنابراین از هر تودهٔ گون مرتعی تعداد زیادی بذر سالم انتخاب شد و سپس بذور با محلول هیپوکلرید سدیم[5] ۱۵ درصد به مدت ۱۵ دقیقه ضد عفونی شدند. بذرها پس از شستشو با آب، با اسید سولفوریک غلیظ[6] ۹۸ درصد، به مدت ۱۰ دقیقه تیمار شدند. در انتهای تیمار، اسید دور ریخته شد و بذرها به منظور پاک سازی از اسید دو بار شسته شدند. پس از شستشو، بذرها درون بشر شیشه‌ای به مدت ۲ شبانه روز در آب خیسانده و سپس بذور بر روی کاغذ صافی موجود در پتری‌دیش، با فاصله مناسب از یکدیگر قرار داده شدند و به مقدار کافی آب مقطر به هرکدام از آنها اضافه گردید. ظروف پتری‌دیش در تاریکی و در دمای ۲۵ درجه داخل ژرمیناتور نگهداری شدند. بذور گون مرتعی به‌دلیل وجود یک پوستهٔ نسبتاً ضخیم دارای خواب از نوع فیزیکی‌اند که از ورود آب به داخل بذر جلوگیری نموده است، بنابراین تیمار اسید سولفوریک و خیساندن برای نرم‌کردن پوسته بذر اعمال شد (۹). پس از سپری‌شدن ۲ روز بذور شروع به جوانه‌زنی کرده و حدود روز سوم طول ریشه‌چه به یک سانتی‌متر رسید. در این مرحله مشخص شد که در ساعت ۱۰ تا ۱۱ صبح بیشترین فراوانی تقسیم میتوز وجود دارد. پس از جوانه‌زنی برای مطالعهٔ میتوز در سلول‌های در حال تقسیم، ابتدا لازم بود کروموزوم‌ها در صفحهٔ متافازی ثابت شوند و کوتاهترین طول و بهترین شرایط را برای مشاهده داشته باشند. در این پژوهش از پیش‌تیمار آلفا برمونفتالین به مدت ۵ ساعت و در دمای ۴ درجهٔ سانتی‌گراد استفاده شد. پس از خارج‌کردن ریشه‌ها از پیش‌تیمار برای تثبیت تقسیم سلولی در محلول لویتسکی[7] به مدت ۲۴ ساعت و در دمای ۴ درجه قرار گرفتند (۸). پس از طی این مدت ریشه‌ها به مدت ۳ ساعت با آب معمولی شسته شد و سپس در الکل ۷۰ درصد نگهداری شدند. در مرحلهٔ

1- Relative length of shortest chromosome
2- Romero Zarco
3- Coefficient of variability
4- Idiogram
5- NaOCl
6- Sulfuric acid
7- Lewitsky

رنگ‌آمیزی ریشه‌ها پس از هیدرولیز با سود یک نرمال و در حمام بن‌ماری با دمای ۶۰ درجه به مدت ۲۰ دقیقه، در داخل رنگ هماتوکسیلین در دمای ۳۰ تا ۳۴ درجهٔ سانتی‌گراد به مدت ۱۸ ساعت قرار گرفتند. در مطالعهٔ نمونهٔ میکروسکوپی ۳ عدد متافاز مناسب برای هر توده ضبط و سپس کاریوتیپ تهیه شد. بررسی نمونه‌ها به کمک میکروسکوپ نوری نیکون[1] مدل E۶۰۰ با بزرگنمایی ۴۰۰ انجام شد. برای اندازه‌گیری صفات کروموزومی از نرم‌افزار میکرومژر نسخه۳/۳ استفاده شد (۱۸). برای مقایسه و تجزیه و تحلیل مشاهدات کروموزومی دسته‌بندی آنها از پارامترهای نسبت طول بازوی بلند به کوتاه (l/s)، نسبت طول بازوی کوتاه به بلند (s/l)، شکل کلی کاریوتیپ (٪TF) طول نسبی کروموزوم و طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم (٪S) استفاده شد (۴).

$$٪TF = \frac{\text{مجموع طول بازوی کوتاه}}{\text{مجموع طول کروموزوم ها}} \times ۱۰۰$$

$$٪S = \frac{\text{طول کوتاهترین کروموزوم}}{\text{طول بلندترین کروموزوم}} \times ۱۰۰$$

اندیس عدم تقارن درون کروموزومی(A_1) که از رابطهٔ زیر بدست می‌آید:

$$A_۱ = ۱ - \frac{\sum_{i=۱}^{n} (\frac{bi}{Bi})}{n}$$

که در آن n: تعداد جفت کروموزومهای هومولوگ، b_i: میانگین طول بازوی کوتاه در هر جفت کروموزوم هومولوگ و B_i: میانگین طول بازوی بلند در هر جفت کروموزوم هومولوگ است. A_1 به تعداد کروموزوم یا اندازهٔ آن بستگی ندارد. از طرف دیگر می‌توان A_1 را از روش زیر نیز محاسبه کرد:

$$A_1 = ۱ - \frac{\sum_{i=۱}^{n} (arm - ratio)}{n}$$

اندیس عدم تقارن بین کروموزومی A_2 نیز از رابطهٔ زیر محاسبه شد:

$$A_2 = \frac{\text{انحراف معیار استاندارد (S)}}{\text{میانگین طول (X)}}$$

1- Nikon

برای طبقه‌بندی کروموزوم‌ها از روش استاندارد لوان[2](۱۹۶۵) و برای بررسی تقارن کاریوتیپی از روش دسته‌بندی استبینز[3] (۱۹۸۱) استفاده شد. برای تعیین نقش هر یک از صفات اندازه‌گیری‌شده در ایجاد تنوع بین توده‌ها از تجزیه به عامل‌ها و برای گروهبندی کاریوتیپ توده‌ها از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم‌افزارهای SAS و EXCEL استفاده شد.

نتایج

تاکنون گزارشی در مورد کاریوتیپ گون مرتعی (*A. cyclophyllus*) ارائه نشده است. بررسی‌های سیتوژنتیک بر روی گون مرتعی نشان داد که این گونه، تتراپلوئید و ۳۲ کروموزوم دارد [۲n =۴x =۳۲]. شکل‌های ۲ تا ۴ کروموزوم‌های متافازی و شکل‌های ۵ تا ۷ آیدیوگرام هاپلوئید توده‌ها را نشان می‌دهد. همانگونه که در جدول ۱ آورده شده است در تودهٔ روستای سیبک بزرگترین کروموزوم دارای طول مطلق ۴/۰۴ میکرون و طول نسبی ۷/۴۹ و از نوع متاسنتریک بود. طول کل ژنوم هاپلویید ۵۳/۸۸ میکرون محاسبه شد. کوچکترین کروموزوم، متاسنتریک و دارای طول مطلق ۲/۸۰ میکرون و طول نسبی ۵/۱۹ بود. تفاوت دامنهٔ طول نسبی کروموزوم برابر ۲/۳۰ به‌دست آمد. فرمول کاریوتیپی مجموعه به صورت ۸m بود و همه کروموزوم‌ها از نوع متاسنتریک تعیین شدند. در تودهٔ حنا بزرگترین کروموزوم دارای طول مطلق ۳/۷۲ میکرون، طول نسبی ۷/۵۸ و از نوع متاسنتریک بود. طول کل ژنوم هاپلویید ۴۹/۰۸ میکرون محاسبه گردید. کوچکترین کروموزوم ، متاسنتریک و دارای طول مطلق ۲/۴۳ میکرون و طول نسبی ۴/۹۴ بود. تفاوت دامنه طول نسبی کروموزوم برابر با ۲/۶۴ به‌دست آمد. فرمول کاریوتیپی این توده به ۶m+۲sm بوده و کروموزوم‌های شمارهٔ ۵ و ۶ ساب متاسنتریک و بقیه کروموزوم‌ها از نوع متاسنتریک تعیین شدند. در توده دره حوض بزرگترین کروموزوم دارای طول مطلق ۴/۹۶ میکرون، طول نسبی ۷/۶۸ از نوع ساب متاسنتریک بود. طول کل ژنوم هاپلویید ۶۴/۵۷ میکرون

2- Levan
3- Stebbins

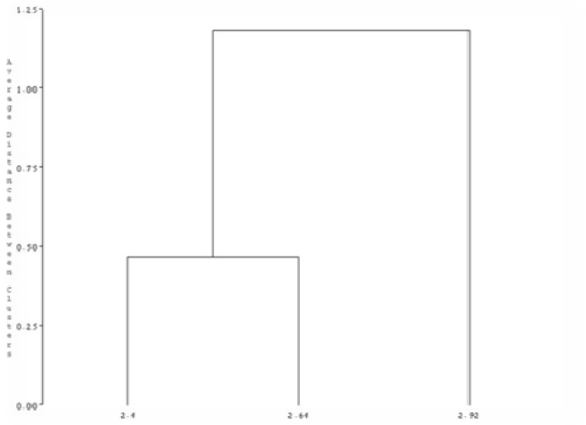
محاسبه شد. کوچکترین کروموزوم، ساب متاسنتریک و دارای طول مطلق ۳/۰۷ میکرون و طول نسبی ۴/۷۶ بود. تفاوت دامنهٔ طول نسبی کروموزوم برابر با ۲/۹۲ بدست آمد. فرمول کاریوتیپی این توده به‌صورت ۴m+۴sm بود و کروموزوم‌های شمارهٔ ۱، ۲، ۷ و ۸ ساب متاسنتریک و بقیهٔ کروموزوم‌ها از نوع متاسنتریک تعیین شدند. در جدول ۱ همچنین، A_1 شاخص عدم تقارن درون کروموزومی، A_2 شاخص عدم تقارن بین کروموزومی، TF٪ درصد فرم کلی، S٪ طول نسبی کوتاهترین کروموزوم و DRL٪ دامنهٔ طول نسبی کروموزوم‌ها و فرمول کاریوتیپی توده‌ها آورده شده است. تودهٔ گون منطقهٔ حنا و دره حوض در دستهٔ کاریوتیپی ۲A قرار گرفتند و تودهٔ روستای سیبک در دستهٔ کاریوتیپی ۱A جای گرفت. بیشترین مقدار ژنوم به تودهٔ گون دره حوض با ۶۴/۵۷ میکرون مربوط بود. بلندترین کروموزوم در تودهٔ دره حوض با ۴/۹۶ میکرون و کوتاهترین کروموزوم در تودهٔ حنا با ۲/۴۳ میکرون مشاهده شد.

برای تعیین نقش هر یک از صفات کاریوتیپی مورد مطالعه در تنوع بین توده‌ها، تجزیه به عامل‌ها انجام شد که نتایج آن در جدول ۲ آمده است. این تجزیه منجر به شناسایی ۲ عامل پنهان شد، هرچه میزان واریانس عاملی بیشتر باشد، به اعتبار آن عامل در تفسیر تغییرات داده‌ها افزوده می‌شود. عامل اول به شدت تحت تأثیر صفات طول نسبی بزرگترین کروموزوم (۰/۹۹-)، طول مطلق بزرگترین کروموزوم (۰/۹۷-)، دامنهٔ طول نسبی کروموزوم‌ها (۰/۹۵)، طول نسبی کوچکترین کروموزوم (۰/۹۳-)، شاخص عدم تقارن درون کروموزومی (۰/۹۲-) در جهت منفی و طول نسبی کوتاهترین کروموزوم (۰/۹۶) و طول کل ژنوم هاپلوئید (۰/۹۳) در جهت مثبت بود. عامل دوم تحت تأثیر طول مطلق کوچکترین کروموزوم (۰/۷۴-) در جهت منفی و شاخص عدم تقارن بین کروموزومی (۰/۷۳) در جهت مثبت بود. برای گروهبندی کاریوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس صفات کاریوتیپی، تجزیهٔ خوشه‌ای انجام شد(شکل۱). دندروگرام حاصل از این روش نشان می‌دهد که کاریوتیپ توده‌های گون به‌طور کلی دو خوشه را تشکیل می‌دهند. خوشهٔ اول شامل کاریوتیپ تودهٔ گون مرتعی روستای سیبک و تودهٔ گون مرتعی حناست که در یک گروه قرار می‌گیرند. خوشهٔ دوم شامل کاریوتیپ تودهٔ گون مرتعی دره حوض است که در یک گروه جدا قرار گرفته و با فاصلهٔ بیشتری از کاریوتیپ دو تودهٔ دیگر قرار دارد.

جدول ۱- مقایسهٔ صفات کاریوتیپ توده‌های گون مورد مطالعه

صفات کاریوتیپ	تودهٔ روستای سیبک	تودهٔ حنا	تودهٔ دره حوض
طول مطلق بزرگترین کروموزوم (µm)	۴/۰۴	۳/۷۲	۴/۹۶
طول نسبی بزرگترین کروموزوم (µm)	۷/۴۹	۷/۵۸	۷/۶۸
طول مطلق کوچکترین کروموزوم (µm)	۲/۸۰	۲/۴۳	۳/۰۷
طول نسبی کوچکترین کروموزوم (µm)	۵/۱۹	۴/۹۴	۴/۷۶
فرمول کاریوتیپی	۸m	۶m +۲sm	۴m+۴sm
٪DRL	۲/۳۰	۲/۶۴	۲/۹۲
میانگین طول کروموزوم (µm)	۳/۳۷	۳/۰۷	۴/۰۴
طول کل ژنوم هاپلوئید	۵۳/۸۸	۴۹/۰۸	۶۴/۵۷
گروه کاریوتیپی براساس استبینز	۱A	۲A	۲A
%TF	۴۱/۷۲	۴۱/۹۰	۳۷/۷۱
%S	۶۶/۰۴	۶۰/۶۴	۵۱/۵۹
A_1	۰/۳۰	۰/۲۸	۰/۳۹
A_2	۰/۱۲	۰/۱۴	۰/۱۴

(A_1 شاخص عدم تقارن درون کروموزومی)،)، (A_2 شاخص عدم تقارن بین کروموزومی)،(TF٪ درصد فرم کلی)، (S٪ طول نسبی کوتاهترین کروموزوم) و (DRL٪ دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها)

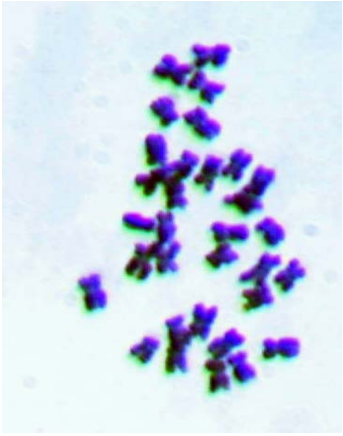


توده دره حوض توده حنا توده روستای سیبک

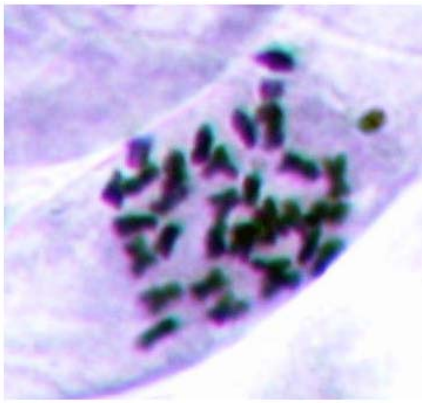
شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیهٔ خوشه‌ای گروهبندی کاریوتیپ‌ها بر اساس صفات کروموزومی

جدول ۲- نتایج تجزیه به عامل برای ویژگی‌های کاریوتیپ توده‌های گون مورد مطالعه

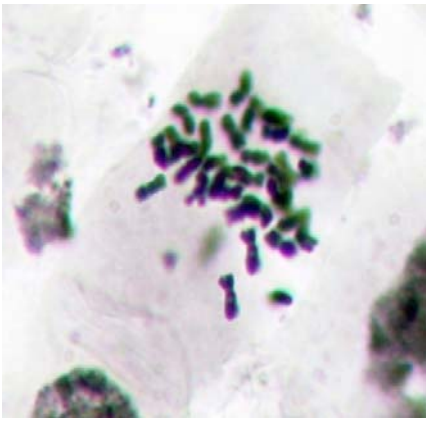
صفات کاریوتیپی	عامل اول	عامل دوم
طول مطلق بزرگترین کروموزوم	-۰/۹۷	-۰/۲۵
طول نسبی بزرگترین کروموزوم	-۰/۹۹	۰/۱۷
طول مطلق کوچکترین کروموزوم	۰/۶۷	-۰/۷۴
طول نسبی کوچکترین کروموزوم	۰/۹۳	۰/۳۷
تفاوت دامنه طول نسبی	۰/۸۷	۰/۵۰
طول کل ژنوم هاپلوئید	۰/۹۳	-۰/۳۶
شاخص عدم تقارن درون کروموزومی	-۰/۹۲	۰/۳۹
شاخص عدم تقارن بین کروموزومی	۰/۶۸	۰/۷۳
طول نسبی کوتاهترین کروموزوم	۰/۹۶	-۰/۲۸
درصد فرم کلی	۰/۸۹	۰/۴۵
DRL%	۰/۹۵	-۰/۳۱
واریانس	۸/۷۸	۲/۲۲
واریانس تجمعی	۸/۷۸	۱۱



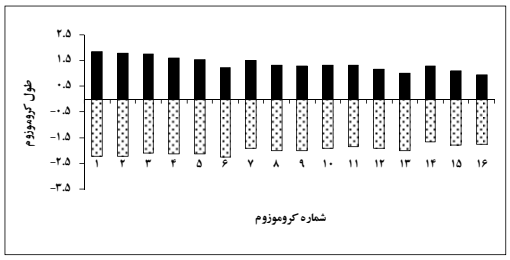
شکل ۲- نمایش صفحه متافازی کروموزوم‌های گون مرتعی توده روستای سیبک با بزرگنمایی ۴۰۰



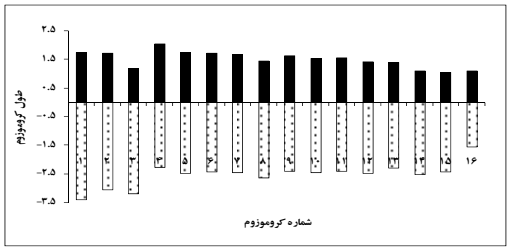
شکل ۳- نمایش صفحه متافازی کروموزوم‌های گون مرتعی تودهٔ حنا با بزرگنمایی ۴۰۰



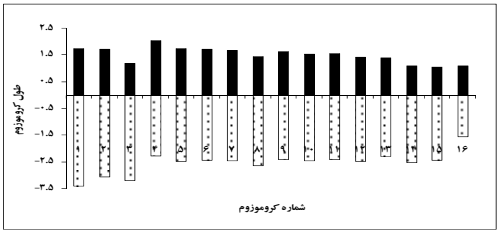
شکل ۴- نمایش صفحه متافازی کروموزوم‌های گون مرتعی تودهٔ دره حوض با بزرگنمایی ۴۰۰



شکل ۵- آیدیوگرام کروموزوم‌های متافازی گون مرتعی تودهٔ روستای سیبک



شکل ۶- آیدیوگرام کروموزوم‌های متافازی گون مرتعی تودهٔ حنا



شکل ۷- آیدیوگرام کروموزوم‌های متافازی گون مرتعی تودهٔ دره حوض

بحث و نتیجه‌گیری

گون از جنس‌های با ارزش مرتعی و علوفه‌ای است که در جهان تنوع قابل توجهی دارد. این گونه بزرگترین جنس از خانوادهٔ Fabaceae است که تقریباً با داشتن ۳۰۰۰ گونه در ۱۵۰ بخش گروهبندی شده است (۱، ۲، ۱۰ و ۱۱). بررسی‌های متعدد بر روی جنس Astragalus نشان داده است که تعداد کروموزوم‌ها و عدد پایهٔ کروموزومی در گونه‌های این جنس بسیار متفاوت است. برای اولین بار تعداد کروموزوم گون مرتعی که برابر ۲n =۴x = ۳۲ بود، گزارش شد. لدینگهام[1] (۱۹۷۳) با بررسی ۸۴ گونهٔ گون گزارش کرد که گون‌های متعلق به دنیای قدیم دارای عدد پایهٔ کروموزومی X=۸ و گون‌های متعلق به دنیای جدید عدد پایهٔ کروموزومی۱۳ و۱۲، ۱۱= X دارند. این نتایج با نتایج معصومی (۱۹۸۷) که بیان کرد عدد پایهٔ کروموزومی X =۸ در بیشتر گون‌های گون دنیای قدیم مشاهده شد، تطابق داشت (۱۲). از نظر درجهٔ تقارن

1- Ledingham

کاریوتیپ تودهٔ گون روستای سیبک از کاریوتیپ تودهٔ گون حنا و تودهٔ دره حوض متقارن‌تر بودند. در تودهٔ گون حنا مقدار مقدار A_2 در تودهٔ گون روستای سیبک کمتر از تودهٔ منطقهٔ حنا و تودهٔ دره حوض است. این موضوع نشان‌دهندهٔ این است که کروموزوم‌های ژنوم در تودهٔ گون روستای سیبک نسبت به تودهٔ حنا و تودهٔ دره حوض از نظر طول اختلافات کمتری با یکدیگر داشته و از یکنواختی طولی بیشتری در کروموزوم‌های ژنوم بهره‌مند شده است. با بررسی درصد کل فرم ملاحظه شد که این پارامتر در همه توده‌ها، به عدد ۵۰ نزدیک بود که نشان‌دهندهٔ قرارگرفتن تقریبی سانترومرها در ناحیهٔ میانی کروموزوم بود. در تودهٔ گون حنا که مقدارTF٪ نسبت به تودهٔ روستای سیبک و تودهٔ دره حوض بیشتر بود و سانترومرها میانی‌تر بوده‌اند. نتایج تجزیهٔ کاریوتیپی سه تودهٔ گون مرتعی بیانگر تنوع قابل توجهی در کروموزوم-های این توده‌ها بود. تودهٔ گون حنا با داشتن مقادیر کمتر A_1و بیشتر TF٪ کاریوتیپ دارای تقارن درون کروموزومی بیشتری نسبت به توده‌های روستای سیبک و دره حوض است. A_1 کمتر از تودهٔ روستای سیبک و تودهٔ گون منطقهٔ دره حوض بود، بنابراین در کروموزوم‌های تودهٔ منطقهٔ حنا سانترومر به ناحیه میانی کروموزوم نزدیکتر است. براساس نتایج از تجزیه به عامل در صورتی‌که انتخاب بر اساس عامل اول انجام شود، این انتخاب بیشترین تأثیر را در طول نسبی بزرگترین کروموزوم خواهد داشت و در صورتی‌که انتخاب بر اساس عامل دوم باشد، طول مطلق کوچکترین کروموزوم بیشترین تغییر را خواهد داشت. گروهبندی کاریوتیپ‌ها با روش تجزیهٔ خوشه‌ای نشان می‌دهد، تودهٔ گون مرتعی روستای سیبک و تودهٔ گون مرتعی حنا بیشترین خویشاوندی را با هم دارند و کاریوتیپ تودهٔ گون مرتعی دره حوض که در یک گروه جدا قرار می‌گیرد، خویشاوندی و قرابت کمتری با کاریوتیپ دو تودهٔ دیگر دارد. جنس گون در میان گیاهان گلدار از بزرگترین جنس‌ها می‌باشد که در جهان متجاوز بر ۳۳۰۰ گونه را در خود جای می‌دهد.

تحقیقات گون‌شناسی که در سه دهه گذشته صورت گرفت، به معرفی گونه‌های جدید یا ترکیب‌های جدید منجر شده است، لیکن با تحقیقات دامنه‌دارتر، تعدادی از آنها مترادف نامهای قدیمی تشخیص داده شدند. با انجام مطالعات سیتوژنتیکی بر روی گونهٔ گون مرتعی و استفاده از این مطالعات در طبقه‌بندی و شناسایی آن می‌توان در بررسی‌های تغییرات تکاملی گون‌ها و تعیین قرابت آنها به نتایج جدیدی دست یافت. از آنجا که گون مرتعی گیاه علوفه‌ای ارزشمندی است برای انتخاب روش به‌نژادی و زراعی‌کردن آن از نتایج مطالعات کروموزومی استفاده می‌شود.

منابع

1. Badr, A. & A. Gassim, 1992. Chromosomal studies on some plants in the flora of Madinah region. J. of King Abdulaziz University, 4: 23-35.
2. Badr, A & S. M. Sharawy, 2007.Karyotype analysis and systematic relationships in the Egyptian Astragalus. International J. of Botany, 3(2): 147-159.
3. Bin, L., C. Zhao Yang, W. Zhen Hai, & X. LangRan, 2004. A karyotype study of six Astragalus species from China. Acta Botanical Boreali-Occidentalia Sinica, 20(5): 711-715.
4. Guerra, M.D.S., 1986. Short communication reviewing Thechromosome nomenclature of Levan. Brazil J. Genetics, IX(4) :741-743.
5. Hessamzadehe, H.S.M., & M. Rasolii, 2006. Cytogenetics of Iranian *Vicia* species,Iranian J. of Agricultura, 37-1(2): 213-225. (In Persian)
6. Hillis, D.M., C. Mortiz, & B.K. Mable, 1996. Molecular systematics, 2nd ed, Sinauer Associates, 205 p.
7. Jalili, A., & Z. Jamzad, 1999. Red data book of Iran, Research Institute of Forests and Rangelands, 124 p. (In Persian).
8. Javadi, H., A. Razban, H. & S.M. Hessamzadehe., H, 2006. Study of karyotype in three Astragalus species. Pajouhesh & Sazandegi, 73:131-135. (In Persian)
9. Khosh-Khui, M., 2007. Plant Propagation. (Translate), Volume 1, Shiraz university publications,
1. 34 p. (In Persian)

10. Ledingham, G.F. & B.M. Pepper, 1973. Chromosome number of some North American species of Astragalus. Kurtziana, 7: 27-37.
11. Levan, A., K. Fredga & A.A. Sanders, 1965. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52: 201-220.
12. Malallah, G., M. Masood, & M. Al-Dosari, 2001. Chromosome number of the Kuwaiti flora, III. Willdenowia, 31: 411-418.
13. Manandhar, L. & Sakya, S.R., 2004. Cytotaxonomic studies in two species of Astragalus. Journal of Cytology and Genetics, 5(1):13-20.
14. Massoumii, A. A., 1987. Notes on the genus Astragalus in Iran. I. Cytotaxonomic studies on some species. Iran J. Bot., 3: 117-128.
15. Massoumii, A.K., 2004. Astragalus in Iran. Volume 5, Research Institute of Forests and Rangelands, 309p. (In Persian).
16. Moshtaghian, M. B., 2007. Autoecology of *Astragalus cyclophllos* in Isfahan .Agricultural & Natural Resources Research Center of Isfahan publications: 33-54. (In Persian).
17. Naranjo, C.A., M.R. Ferrari, A.M, Palermo & L. Poggio, 1998. Karyotype, DNA content and meiotic behaviour in five South American species of Vicia. Annals of Botany 82: 757-764.
18. Reeves, A., 2001 Micromeasure: A new computer program for the collection and analysis of the cytogenetic data. Genome, 44:439-443.
19. Romero Zarco, C., 1986. A new method for estimating karyotype asymmetry. Taxon, 36: 526-530.
20. Seijo, J.G., & A. Fernandez, 2003. Karyotype analysis and chromosomeevolution in South American species of Lathyrus. American Journal of Botany, 90(7): 980-987.
21. Stebbins, G.L., 1981. Chromosomes and evolution in the genus Bromus. Bot. Jahr. System. Pflanzengescher Pflanzengeog. 102: 359-379.
22. Sybenga, J., 1992. Cytogenetics in plant breeding, Springer-Verlage, Berlin, 113p.
23. Wojciechowski, M.F., M.J. Sanderson, B. G. Baldwin & M.J. Donoghue, 1993. Monophyly of aneuploid Astragalus: evidence from nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer sequences. American Journal of Botany, 80(6): 711-722.