

بررسی کاربوتیپی جمعیت‌های مختلف گونه *Festuca arundinacea*

- لیلا میرجانی، دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه پیام نور
- حسین میرزائی ندوشن، عضو هیات علمی موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع
- عباس قمری زارع، عضو هیات علمی موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع
- غلامرضا بخشی خانیکی، عضو هیات علمی دانشگاه پیام نور، تهران، سازمان مرکزی

تاریخ دریافت: اسفندماه ۱۳۸۲ تاریخ پذیرش: خرداد ماه ۱۳۸۳

چکیده

به منظور شناخت تنوع کاربوتیپی میان ده جمعیت از گونه *Festuca arundinacea*، مطالعات سیتوژنتیکی بر روی آنها صورت گرفت. جمعیت‌های فوق مورد اندازه‌گیری ویژگی‌های کاربوتیپی از قبیل طول بازوی بلند و کوتاه کروموزومی قرار گرفته و بر اساس اطلاعات بدست آمده، طول کل کروموزومها، نسبت طول بازوهای کوتاه به طول بازوی بلند و به عکس نیز محاسبه گردید. بر روی داده‌های حاصل از صفات کاربوتیپی فوق تجزیه واریانس در قالب طرح فاکتوریل در طرح پایه کاملاً تصادفی انجام شد. تجزیه واریانس برای تمام صفات فوق در سطح ۱٪ نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین جمعیتها و کروموزومها وجود دارد. برای گروه‌بندی جمعیتها و کروموزومها از آزمون دانکن استفاده شد که به کمک این روش کروموزومهای هر جمعیت گروه‌بندی شدند. ده جمعیت گونه مزبور دارای ۲۱ جفت کروموزوم فاقد ماهواره و کروموزوم B بودند. دامنه طول کروموزومها در جمعیتها مورد بررسی بین ۲/۳۰ و ۷/۳۰ میکرون به‌دست آمد. حداقل مجموع طول کل کروموزومها مربوط به جمعیت سمیرم و حداکثر مجموع طول کل کروموزومها مربوط به جمعیت سنندج و سیراچال بود. از لحاظ سنجش تقارن کاربوتیپی‌ها با بیشتر روشهای استفاده شده جمعیت خارجی - Barraco نامتقارن‌ترین کاربوتیپ و جمعیت سیراچال دارای متقارن‌ترین کاربوتیپ بود.

کلمات کلیدی: فستوکا، کاربوتیپ، سیتوژنتیک، پلی پلوئید، تقارن کاربوتیپی، *Festuca arundinacea* L.

Pajouhesh & Sazandegi No:65 pp: 84-90

Karyotypic investigations in several populations of *Festuca arundinacea*

By: L. Mirjani, Faculty of Science Poyam Nour University A. Ghamarizare, Research Institute of Forest Rangeland Tehran. Iran. H. Mirzaie- Nodoushan, Research Institute of Forest Rangeland Tehran. Iran. Gh. Bakhshi- Khaniki, Payam Nour University. Tehran, Iran.

In order to investigate karyotypic variation between ten populations of *Festuca arundinacea*, cytogenetic study was performed. The populations were studied for several karyotypic characteristics, including long and short arm length, by which total length of the chromosomes, long arm to short arm and short arm to long arm ratios were calculated. Analysis of variance of mitotic data in factorial experimental design based on completely randomized design, showed highly significant differences between the studied populations for all of the traits at $\alpha=0.01$ level. Duncan test were carried out in order to classify the populations and their chromosomes. All of the ten populations of the species had 21 chromosome pairs, without any sat-chromosome and B-chromosome. Chromosome total length range was 2.30-7.30 micron. Minimum total length of the chromosomes belonged to the of Semirom population and maximum total length of the chromosomes belonged to the Sirachal and Sanandaj populations. Based on the most karyotypic asymmetry measurements a foreign population called Barraco, was the most asymmetric and Sirachal population showed the most symmetric karyotype.

Keyword: *Festuca*, Karyotype, Cytogenetic, Polyploid, Symmetric karyotype, *Festuca arundinacea* L.

مواد و روش‌ها

ده جمعیت از این گونه (۶ اکسشن ایرانی، ۲ اکسشن و ۲ واریته خارجی) از مناطق مختلف ایران و جهان جهت مطالعه انتخاب شدند (جدول شماره ۱). این جمعیت‌ها در سال ۱۳۷۹ در مزرعه تحقیقاتی بخش تحقیقات ژنتیک و فیزیولوژی موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع در ارتفاع ۱۳۵۰ متر از سطح دریا کشت شدند و در سال ۱۳۸۱ از نظر کاربوتیپی مورد مطالعه قرار گرفت.

جهت مطالعات سیتوژنتیکی و کاربوتیپی از مریستم نوک ریشه استفاده شد. ابتدا بذرهاى ژنوتیپ‌های مورد نظر به مدت ۵ دقیقه با چارچ کش بنومیل ضد عفونی شدند. سپس بذرها روی یک لایه کاغذ صافی مرطوب در داخل پتری دیش در داخل ژرمیناتور، در دمای ۲۲ درجه سانتی‌گراد و ۱۴ ساعت روشنایی آن از ساعت (۲۱ - ۷) قرار داده شد. مدت زمان جوانه‌زنی در داخل ژرمیناتور ۴۸ تا ۶۰ ساعت بود. هنگامی که طول ریشه‌ها به ۲ - ۱ سانتیمتر رسیدند، ریشه‌ها جهت مطالعات سیتوژنتیکی برداشت شد.

باتوجه به این که مطالعات میتوزی کروموزوم‌ها در مرحله متافاز که کوتاه‌ترین طول و بهترین شرایط را برای مطالعه دارند صورت می‌پذیرد، ضروری است بافت مورد مطالعه طوری آماده گردد که درصد بالایی از سلولهای آن در مرحله متافاز میتوز باشند. در این مراحل، برای دستیابی به کروموزوم‌ها با حداکثر فشردگی در داخل سلول با استفاده از مواد شیمیایی، عمل رشته‌های دوک مختل شد تا کروموزوم‌ها از ادامه بقیه مراحل میتوز بازمانده و در مرحله متافاز تجمع یابند. این مواد با مختل نمودن رشته‌های دوک از حرکت کروموزوم‌ها به قطبین سلول جلوگیری می‌کند. محلول‌های مختلفی از جمله کلشی سین، α-برومو نفتالین، ۸-هیدروکسی کینولین، پارادی کلروبنزن و آب صفر درجه سانتیگراد به عنوان مواد پیش تیمار استفاده می‌شوند. در این بررسی از محلول اشباع α-برومو نفتالین به مدت دو ساعت به عنوان پیش تیمار در دمای ۴ درجه سانتیگراد استفاده شد. برای تثبیت مریستم‌های پیش تیمار شده آنها را پس از خارج کردن از پیش تیمار به طور کامل با آب مقطر شستشو داده و پس از خشک کردن، به مدت ۲۴ ساعت در محلول تثبیت کننده فارمر (نسبت یک حجم اسید استیک گلاسیال با سه حجم اتانول خالص) قرار داده شدند.

جهت نگهداری ریشه‌ها تا زمان مناسب مطالعه، پس از خارج کردن آنها از محلول تثبیت کننده، آنها را با آب مقطر یا الکل ۷۰٪ به خوبی شستشو داده و در الکل ۷۰٪ در یخچال نگهداری می‌کنند. بدیهی است که در صورت عدم نیاز به نگهداری ریشه‌ها، فقط شستشو با آب مقطر یا الکل کافی است. سپس نمونه‌ها به مدت ۱۸ ساعت در رنگ هماتوکسیلین در دمای ۴ درجه سانتیگراد قرار داده و برای اینکه بتوان عکس‌هایی با کیفیت بهتر از کروموزوم‌ها تهیه نمود، اندامهای درون سلولی را میتوان با اضافه نمودن آنزیم سیتاز حذف کرد. برای این کار بعد از رنگ آمیزی، نوک ریشه‌ها به طول یک میلی‌متر قطع و در بوته‌های چینی کوچک قرار داده شدند و یک قطره آنزیم سیتاز به آن اضافه شد و در دمای ۴ درجه سانتیگراد نگهداری شدند، سپس بعد از دو ساعت مورد مطالعه قرار گرفتند. آنگاه مریستم را روی لام گذاشته و یک قطره اسید استیک ۴۵٪ اضافه گردید تا رنگ‌های اضافی اطراف مریستم حذف شوند. پس از عمل له کردن کروموزوم‌هایی که در یک سطح قرار داشتند مورد مطالعه میکروسکوپی قرار گرفت. برای هر ژنوتیپ کروموزوم‌ها حداقل ۵ سلول متافازی مناسب اندازه‌گیری شد.

مقدمه

فستوکا جنسی بزرگ شامل ۴۵۰ گونه گرامینه علفی است که اعضای آن به طور وسیعی با انواع مناطق آب و هوایی سازگار شده‌اند. در ایران ۹ گونه فستوکا شناخته شده است که یکی از آنها *Festuca arundinacea* با نام عمومی Tall Fescue است (۱).

این گونه گراس، مقاوم به سرماست و دارای چندین خصوصیت مطلوب از جمله سازگاری با دامنه وسیعی از شرایط خاک، عملکرد خوب علوفه، فصل طولانی چرا، مقاومت عالی به تنش‌ها، تولید بذر عالی و حفاظت کننده خاک است. این گونه پوشش مناسبی را برای میلیون‌ها هکتار از اراضی قابل فرسایش تأمین کرده است (۸). از این جهت به عنوان یک گراس علوفه‌ای مهم مورد استفاده قرار می‌گیرد. از این رو در فرودگاه‌ها، زمینهای بازی، میدان گلف، زمین فوتبال، بین بزرگراه‌ها، کنار جاده‌ها، مجراهای آب و خاکریزها مورد استفاده قرار می‌گیرد (۵، ۱۵). از ارقامی که دارای فرم رویشی کوتاه‌تر، برگ‌های نرم‌تر و رنگ سبزترند به مقدار قابل توجهی در ترکیب چمن استفاده می‌کنند (۷).

با توجه به اهمیت این گونه جمعیت‌های مختلف بومی و وارداتی آن در کشور ما هنوز به مقدار کافی مورد مطالعات سیتوژنتیکی قرار نگرفته‌اند. اینک جمعیت‌های مختلف از یک گونه در نقاط مختلف کشور دارای چه نوع خویشاوندی هستند، از ویژگی آنها به چه نحو می‌توان در تاکسونومی و اصلاح ژنتیکی گونه‌ها بهره جست، پرسش‌های زیادی هستند که باید از جمعیت‌های مختلف این گونه به دست آورد. در واقع یکی از اساسی‌ترین اقدامات در یک مطالعه بیوسیستماتیکی ژنتیکی و اصلاحی مطالعه ساختار ژنوم گونه‌های وحشی و جمعیت‌های آن است. اطلاعات حاصله از این گونه بررسی‌ها امکان شناسایی ژنوتیپ‌های مختلف و سرانجام بهترین ژنوتیپ را برای اصلاح معرفی می‌کند. به همین منظور تعداد ۱۰ اکسشن مختلف از این گونه مورد مطالعه کاربوتیپی قرار گرفتند.

مطالعات سیتوژنتیک در *F. arundinacea*

این گونه جمعیت‌های سیتوتیپ تتراپلوئید تا دکلپلوئید دارد. اما بیشترین اکتوتیپها و ارقام این گونه چمنی و علفی به طور گسترده‌ای به شکل آلوهگزاپلوئید $2X = 2n = 42$ هستند (۳). با استفاده از هیبریداسیون *in situ* ثابت گردید که گونه تتراپلوئید (*FgFg*) *Var. glaucescens arundinacea* در دو ژنوم و گونه دیپلوئید (*Fp*) *F. pratensis* در یک ژنوم به صورت هیبرید طبیعی در ترکیب ژنتیکی این گونه مشارکت کرده و گونه آلوهگزاپلوئید (*FpFpFgFgFgFg*) *F. arundinacea* را به وجود آورده‌اند (۹). Kleijer (۱۱) عنوان کرد که در میوز این گونه در نتیجه حضور یونی والانتهای مولتی والانتهای اندکی بی‌قاعدگی و فقدان ثبات کافی وجود دارد. تفاوت‌های مهمی نیز در ارتباط کروموزوم‌های میتوزی بین واریته‌های فستوکا پیدا شده است. بین گیاهان یک واریته نیز تفاوت‌هایی دیده شده است، ولی کمتر از تفاوت‌های بین واریته‌های است.

تنوع در تعداد فشردگی‌های ثانویه کروموزومی بین رقم این گونه هگزاپلوئید گزارش شده است (۱۲). Jauhar و Crane (۱۰) رفتار جفت شدن B کروموزوم‌ها را در هفت جمعیت *F. arundinacea* هگزاپلوئید مطالعه کردند. این جمعیتها ۰ تا ۱۰ B کروموزوم داشتند آنها مشاهده کردند که B کروموزوم‌ها تعداد کیاسما را در کروموزوم‌های طبیعی این گونه افزایش می‌دهند.

Ceccarelli و همکارانش (۴) سی جمعیت طبیعی *F. arundinacea* را با مقادیر متفاوت DNA هسته مطالعه کردند. طبق اظهارات آنها تنوع مقدار پایه DNA هسته این گیاه در بهبود توانایی گیاه در محیط‌های متفاوت از لحاظ عوامل آب و هوایی مثل دما نقش دارد.

جدول شماره ۱: اسامی ژنوتیپهای *F. arundinacea* مورد مطالعه

کد	ژنوتیپ
G ₁	نمونه سیراچال
G ₂	نمونه خارجی - A۲۲۱۰ از کشور ایرلند
G ₃	نمونه فریدن
G ₄	Dovey واریته خارجی از کشور ایرلند
G ₅	نمونه سنندج
G ₆	نمونه گرگان
G ₇	نمونه سمیرم-۷۷
G ₈	نمونه خارجی بی نام
G ₉	Barraco واریته خارجی از کشور ایرلند
G ₁₀	نمونه سمیرم-۷۹

کمی DNA در بازوی بلند متفاوتند، ولی ژنوتیپ‌های دیگر احتمالاً تغییرات ساختمانی باعث تمایز آنها از یکدیگر شده است. ژنوتیپ‌های سیراچال و سنندج نیز از لحاظ طول کل کروموزوم در دسته‌ای جداگانه قرار گرفته‌اند. در نتیجه آنها نیز از لحاظ مقدار کمی DNA در طول کل کروموزوم متفاوتند و بقیه تغییرات ساختمانی در طول کل کروموزوم‌های آنها ایجاد شده است. لذا در کل ژنوتیپ‌های سیراچال و سنندج از لحاظ مقدار کمی DNA با بقیه متفاوتند.

از نظر مولفه‌های سنجش تقارن کاربوتیپی (جدول شماره ۴) نظیر میزان TF/٪ حداکثر آن مربوط به ژنوتیپ فریدن ۴۰/۵۹ و حداقل آن مربوط به ژنوتیپ سنندج ۳۷/۰۸ می‌باشد و هر چه ژنوتیپ‌ها دارای TF/٪ نزدیکتر به ۵۰ باشند تعداد کروموزوم‌های متاسانتریک بیشتری داشتند. حداکثر اختلاف دامنه طول نسبی کروموزومها (DRL) مربوط به ژنوتیپ خارجی Barraco ۴/۸۵ و حداقل آن مربوط به ژنوتیپ سیراچال ۳/۴۵ بود. نظر به این که مقادیر کمتر این مولفه حاکی از تقارن بیشتر کاربوتیپی است در نتیجه ژنوتیپ سیراچال دارای بیشترین تقارن و ژنوتیپ خارجی Barraco دارای کمترین تقارن کاربوتیپی است. همچنین ژنوتیپ سیراچال دارای حداکثر نسبت

جدول شماره ۲: مجموع مربعات حاصل از تجزیه واریانس کلیه ویژگیهای کاربوتیپی در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، × معنی دار در سطح پنج درصد، ×× معنی دار در سطح یک درصد و ns غیر معنی دار

منابع تغییر	درجه آزادی	طول بازوی کوتاه (S)	طول بازوی بلند (L)	طول کل	L/S	S/L
ژنوتیپها (A)	۹	۱/۰۱××	۲/۵۰××	۵/۹۰××	۱/۵۰n.S	۰/۰۴n.S
کروموزومها (B)	۲۰	۸/۵۵××	۷/۴۵××	۵۰/۳۱××	۲/۴۵××	۰/۱۹××
اثر متقابل AB	۱۸۰	۰/۱۸n.S	۰/۰۸n.S	۰/۱۲n.S	۰/۵۶n.S	۰/۰۴n.S
خطا	۴۲۰	۰/۲۳	۰/۱۹	۰/۴۱	۰/۶۶	۰/۰۴۶
کل	۶۲۹					

محاسبات آماری

ابتدا به منظور بررسی و تشخیص تفاوت بین نمونه‌های مورد مطالعه از نظر ابعاد کروموزومی و نیز تفاوت بین کروموزوم‌های هر نمونه، داده‌های کاربوتیپی را در قالب یک طرح فاکتوریل در طرح پایه کاملاً تصادفی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. ژنوتیپ‌ها به عنوان عامل اصلی و کروموزوم‌ها به عنوان عامل فرعی قلمداد شدند. پس از مشاهده اختلاف بین داده‌های نمونه‌ها و کروموزوم‌ها توسط جدول تجزیه واریانس با استفاده از روش دسته‌بندی میانگین‌ها (دانکن)، ژنوتیپ‌ها و کروموزوم‌ها دسته‌بندی شدند و با استفاده از نرم‌افزار کوآرپرو ایدیوگرام کلیه کاربوتیپ‌ها نیز رسم گردید.

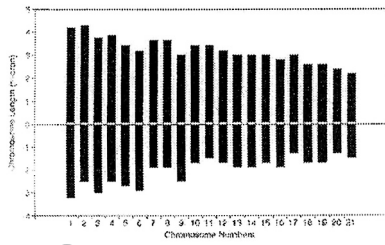
نتایج

پس از شمارش کروموزومی همه ژنوتیپ‌ها هگزاپلوئید $2n=6x=42$ تشخیص داده شد. نتیجه تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌ها از نظر طول بازوی کوتاه، طول بازوی بلند و طول کل کروموزوم‌ها با یکدیگر اختلاف معنی‌داری دارند (جدول شماره ۲). لذا صفات مذکور به روش دانکن دسته‌بندی شدند (جدول شماره ۳). صفات بیشتر ژنوتیپ‌های مورد مطالعه با یکدیگر هم پوشانی داشتند. ولی ژنوتیپ سیراچال و سنندج از لحاظ طول بازوی بلند و طول کل در دسته‌های متفاوت با بقیه بودند. مؤلفه‌های سنجش تقارن کاربوتیپی نیز مورد محاسبه قرار گرفت و مقارن‌ترین و نامتقارن‌ترین کاربوتیپ در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بدست آمد (جدول شماره ۴). از مقایسه داده‌های جدول شماره ۵ دامنه طول بلندترین و کوتاهترین کروموزوم و همچنین ژنوتیپ‌هایی که دارای ژنوم بزرگتر و کوچکتر نسبت به بقیه بودند بدست آمد (شکل شماره ۲). با استفاده از میانگین ابعاد کروموزوم‌ها ایدیوگرام هر یک از ژنوتیپ‌ها رسم شد (شکل شماره ۱).

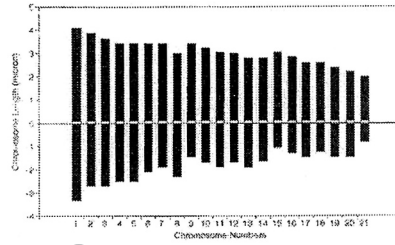
بحث و نتیجه‌گیری

ابعاد کروموزوم‌ها و نسبت طول بازوهای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه با هم اختلاف معنی‌دار داشتند، در نتیجه تغییر در محتوای DNA و تبادل قطعات مختلف کروموزومی از یک بازو به بازوی دیگر در این ژنوتیپ‌ها صورت گرفته است. اما Martinez و Dubcovsky (۶) در بررسی گونه‌های بومی فستوکا در آمریکای جنوبی فقط تفاوت را در نسبت بازوها دیدند. Raicu و همکارانش (۱۴) و همچنین Thomas و Malik (۱۲) در آنالیز کاربوتیپی جمعیت‌های مختلف *F. arundinacea* هگزاپلوئید تفاوت‌های ساختاری مسلمی را در میان آنها مشاهده کردند، که نتایج این تحقیق تأییدی بر نتایج این دانشمندان می‌باشد.

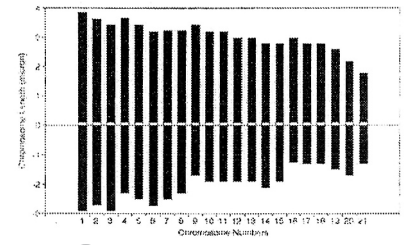
ژنوتیپ‌هایی که در یک دسته قرار می‌گیرند یعنی اختلاف معنی‌داری بین آنها نیست (جدول شماره ۴)، بیانگر این واقعیت است که در تمایز این ژنوتیپ‌ها از یکدیگر تغییر در مقدار کمی DNA نقش نداشته است، بلکه تغییرات ساختمانی کروموزوم‌ها از قبیل جابجایی، واژگونی، حذف قطعات کروموزومی و غیره علت تفاوت‌های ژنتیکی است. در نتیجه ژنوتیپ‌های سیراچال و سنندج که از لحاظ میانگین طول بازوی بلند در دسته‌های جدا نسبت به بقیه قرار داشتند با ژنوتیپ‌های دیگر از لحاظ مقدار



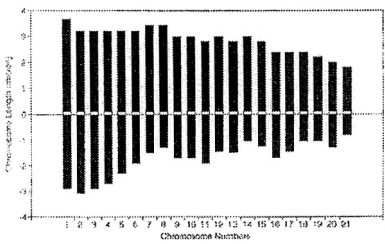
A



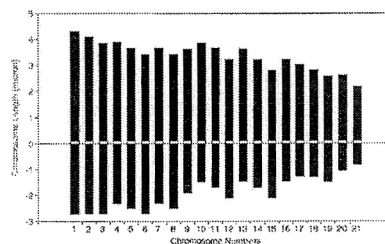
B



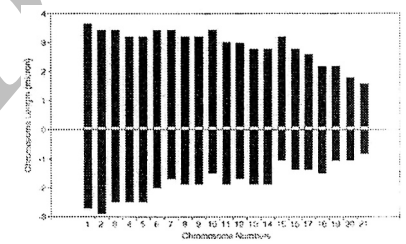
C



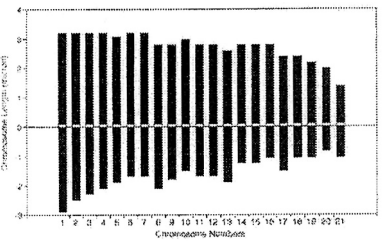
D



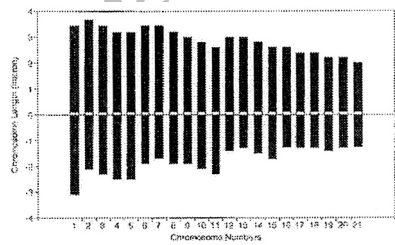
E



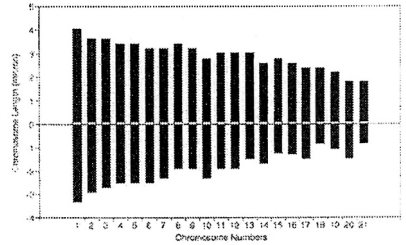
F



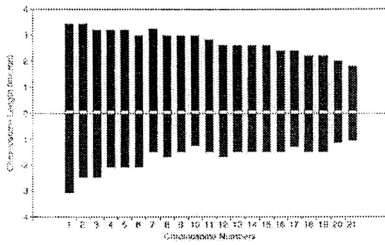
G



H



I



J

شکل شماره ۱: ایدیوگرام جمعیت‌های مختلف مورد مطالعه گونه *Festuca arundinacea*
 A. جمعیت سیراچال (G1)، B. جمعیت خارجی، C. جمعیت ۲۲۱۰ (G۲)، D. جمعیت فریدن (G۳)، E. جمعیت خارجی، F. جمعیت گرگان (G۶)، G. جمعیت سمیرم ۷۷ (G۷)، H. جمعیت خارجی بی‌نام (G۸)، I. جمعیت خارجی، J. جمعیت سمیرم ۷۹ (G۱۰).
 محورها افقی شماره کروموزومها و محورها عمودی طول کروموزوم به میکرون است.

منابع مورد استفاده

- ۱- قهرمان، احمد. ۱۳۷۳. کروموفیت های ایران (سیستماتیک گیاهی). چاپ دوم. انتشارات نشر دانشگاهی.
- 2- Bennet, M.D. 1976., DNA amount, latitude and crop plant distribution. In: K. Jones and P.E. Brandham (eds.). Current chromosome research. Elsevier/North Holland Biomedical Press, Amesterdam, pp.151-158.
- 3- Berg, C.C., Webster, G.T., and Jauhar, P.P. 1979., Cytogenetics and genetics. In: R.C. Buckner and L.P. Bush (eds.). Tall fescue. Am Soc Agron, Madison, Wisconsin, pp. 93-109.
- 4- Ceccarelli, M., Minelli, S., Falcinelli, M. and Cionini, P.G. 1994. Genome size and plant development in hexaploid *Festuca arundinacea*. Heredity, 71: 555-560.
- 5- Charles, G.W., Blair, G.J. and Andrews, A.C. 1991. The effect of sowing time, sowing technique and post sowing weed competition on tall fescue (*Festuca arundinacea*) seed1. establishment. Australian Journal of Agricultural Research, 42: 1251-1259.
- 6- Dubcovsky, J. and Martinez, A.J. 1991. Chromosome complement and nucleoli in the *Festuca palleescens* alliance from Southern America. Canadian Journal of Botany, 69: 2756-2761.
- 7- Fairely, D.T. and Hampton J.G. 1998. Forage seed production. Vol.I: Temperate Species. W.C. Young III. 287-297.
- 8- Gordon, A.H. 1975. Electrophoresis of proteins in polyacrylamide and starch gels. New York, Elsevier
- 9- Humphreys, M.W., Thomas, H.M., Morgan, W.G., Meredith, M.R., Harper, J.A., Thomas, H., Zwierzykowski, Z. and Ghiesquiere, M. 1995. Discriminating the ancestral progenitors of hexaploid *Festuca arundinacea* using genomic in situ hybridization. Heredity, 75: 171-174.
- 10- Jauhar, P.P. and Crane, C.F. 1990. Meiotic behavior and effects B chromosomes in tall fescue. J, Hered, 81: 156-159.
- 11- Kleijer, G. 1984. Cytogenetic studies of crosses between *Lolium multiflorum* Lam., *Festuca arundinacea* schreb. I. the parents and the F1 hybrids. Z. P.Flanzenzuecht, 93: 1-22.
- 12- Malik, C.P. and Thomas, P.T. 1966. Karyotypic studies in some *Lolium* and *Festuca* species. Caryologia, 19: 167-196.
- 13- Price, H.J., Chamber, K.L. and Bachmann, K. 1981. Geographic and ecological distribution of genomic DNA content variation in *Microseris douglasii* (Asteraceae). Bot. Gaz. 142: 415-426.
- 14- Raicu, P., Chirila, R. and Kellner, E. 1974. Chromosomal complement of some Romanian populations of *Lolium* and *Festuca*. Rev. Roum. Biol. 239: 217-219.
- 15- Wasser, C.H. 1982. Ecology and culture of selected species useful in revegetating disturbed lands in the West. Washington, Department of the Interior, Fish and Wildlife Service, Office of Biological Services, Western Energy and Land Use Team. pp. 375.

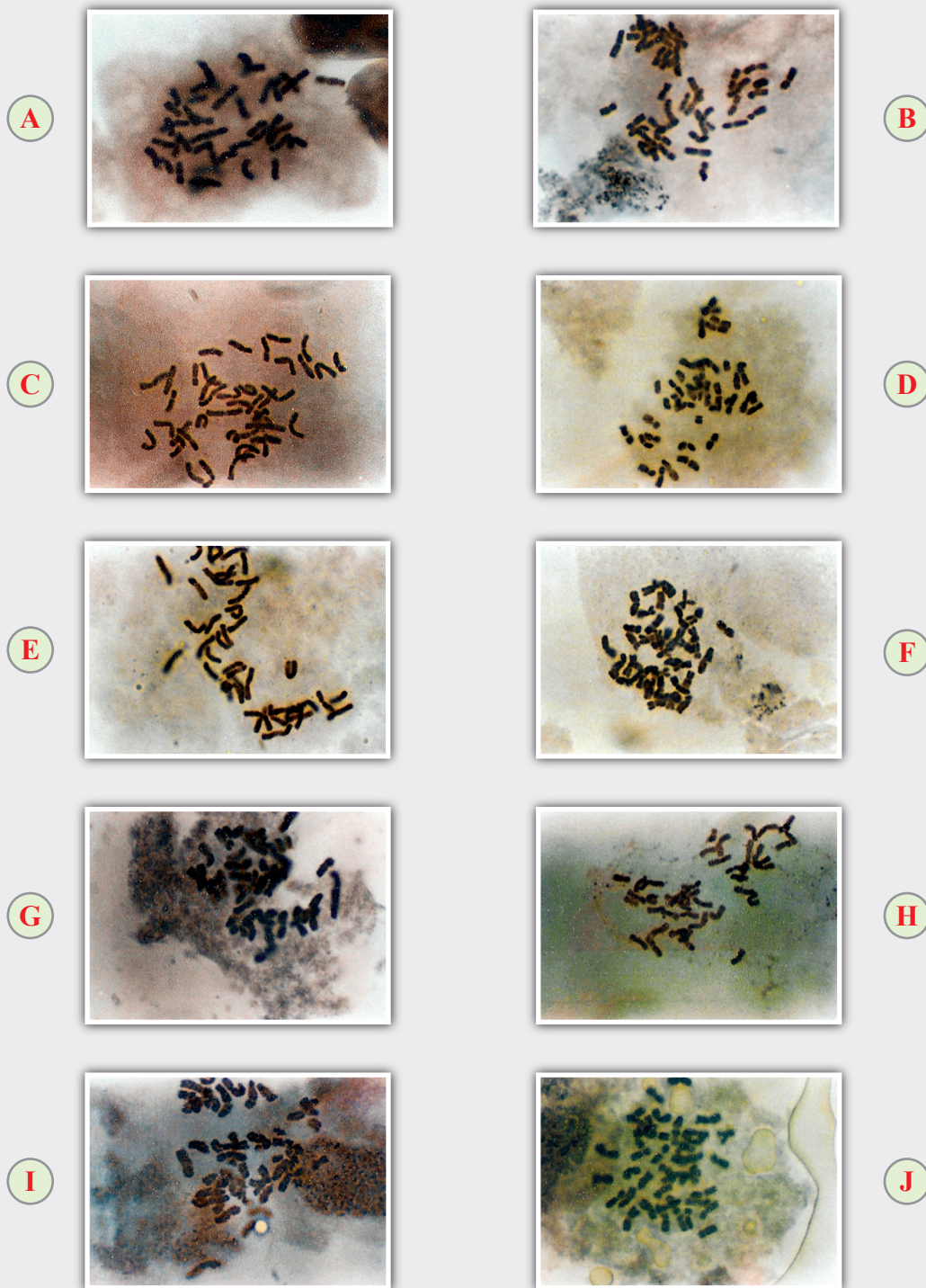
کوتاهترین به بلندترین کروموزوم با مقدار ۰/۴۸ می باشد که این نیز مبین آن است که این ژنوتیپ دارای متقارن ترین کاربوتیپی می باشد و ژنوتیپ خارجی - Barraco دارای حداقل نسبت کوتاهترین به بلندترین کروموزوم با مقدار ۰/۳۴ می باشد که در نتیجه این ژنوتیپ نیز دارای کمترین تقارن کاربوتیپی در بین ده ژنوتیپ مطالعه شده است. نظر به اینکه DRL بیشتر و نسبت S/L کمتر که در اثر تفاوت زیادتر بین کوتاهترین و بزرگترین کروموزوم به وجود می آید نشان دهنده تغییر ساختاری زیادتر کروموزوم هاست در نتیجه در ژنوتیپ خارجی - Barraco توجه به اینکه ژنوتیپی اصلاح شده می باشد، ایجاد تغییرات کروموزومی در نتیجه فرآیندهای اصلاحی بعید نیست.

مقایسه ژنوتیپ‌های مطالعه شده نشان داد (جدول شماره ۵) که دامنه طول بلندترین کروموزوم بین ۶/۰۶ تا ۷/۳۰ متغیر است که حداکثر آن مربوط به ژنوتیپ‌های سیراچال و خارجی ۸۲۲۱۰ می باشد و حداقل آن مربوط به ژنوتیپ سمیرم ۷۷ است. دامنه طول کوتاهترین کروموزوم بین ۲/۳۰ تا ۳/۵۶ متغیر بود که حداکثر آن مربوط به ژنوتیپ سیراچال و حداقل آن مربوط به ژنوتیپ گرگان و سمیرم ۷۷ بود. حداکثر مجموع طول بازوهای بلند مربوط به ژنوتیپ سنندج با مقدار ۶۸/۸ میکرون و حداقل آن مربوط به ژنوتیپ سمیرم - ۷۹ و سمیرم ۷۷ با مقدار به ترتیب ۵۵/۸ و ۵۵/۹ میکرون بود. حداکثر مجموع طول بازوهای کوتاه ۴۲/۹۳ میکرون مربوط به ژنوتیپ سیراچال و حداقل آن ۳۴/۹ میکرون مربوط به ژنوتیپ سمیرم ۷۷ است. حداکثر مجموع طول کل کروموزومها ۱۰۸/۶۸ میکرون و با فاصله اندکی ۴۱/۱۰۸ میکرون به ترتیب مربوط به ژنوتیپ سنندج و ژنوتیپ سیراچال است و حداقل آن ۹۰/۶۹ میکرون مربوط به ژنوتیپ سمیرم - ۷۷ می باشد.

همانگونه پیشتر ذکر شد ژنوتیپ‌های سیراچال و سمیرم از لحاظ مقدار کمی DNA با یکدیگر متفاوت بودند اطلاعات مذکور نیز نشان میدهد که ژنوتیپ سیراچال و سنندج دارای محتوای DNA بیشتر و ژنوتیپ سمیرم ۷۷ دارای محتوای DNA کمتر نسبت به بقیه ژنوتیپ‌ها دارند. Benet (۲) و Price و همکارانش (۱۳) گزارش دادند ارتباطی بین محتوای DNA بیشتر و سازگاری با آب و هوای سردتر وجود دارد. Ceccarelli و همکارانش (۴) پیشنهاد کردند که تنوع مقدار پایه DNA هسته *F. arundinacea* در بهبود توانایی گیاه از لحاظ زندگی در محیط‌های متفاوت آب و هوایی نقش دارد و اندازه ژنوم همبستگی مثبتی با سردترین ماه سال دارد. این پژوهش نشان داد که ژنوتیپ سیراچال و سنندج اندازه ژنوم بزرگتری نسبت به بقیه دارند از طرف دیگر این ژنوتیپ‌ها در مکان‌هایی با آب و هوای سردتر نسبت به بقیه ژنوتیپ‌های ایرانی زندگی می کنند و در نتیجه می تواند تأییدی بر نتایج قبلی باشد.

تشکر و قدردانی

بدین وسیله از مسئولین محترم موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع خصوصا جناب آقای دکتر جلیلی که امکانات اجرای این پروژه را در اختیار ما قرار داده‌اند، سپاسگزاری نموده و از کلیه کارکنان بخش تحقیقات ژنتیک و فیزیولوژی موسسه به خصوص سرکار خانم مهندس شریعت که در انجام این تحقیق از همراهیشان بهره بسیار برده‌ایم کمال تشکر را داریم.



شکل شماره ۲: کروموزومهای متافازی جمعیت‌های مختلف مورد مطالعه

گونه *Festuca arundinacea*

. جمعیت سیراچال (G1), B. جمعیت خارجی، (G2)A۲۲۱۰, C. جمعیت فریدن (G3), D. جمعیت خارجی Dovey (G4), E. جمعیت سنندج (G5), F. جمعیت گرگان (G6), G. جمعیت سمیرم ۷۷ (G۷), H. جمعیت خارجی بی‌نام (G۸), I. جمعیت خارجی Barraco (G۹), J. جمعیت سمیرم ۷۹ (G۱۰).

S/L	L/S	طول کل (TL)	بازوی بلند (L)	بازوی کوتاه (S)	ژنوتیپ
۰/۶۶ab	۱/۶۷b	۵/۱۶a	۳/۱۲a	۲/۰۴a	G1
۰/۶۲ab	۱/۸۳ab	۴/۸۱cd	۲/۹۶b	۱/۸۷abc	G2
۰/۶۹a	۱/۶۵ab	۴/۹۸ab	۲/۹۶b	۲/۰۲a	G3
۰/۶۴ab	۱/۹۴ab	۴/۵۰ def	۲/۷۶cd	۱/۷۴bcd	G4
۰/۵۹b	۲/۰۶a	۵/۱۷a	۳/۲۷a	۱/۹۲ab	G5
۰/۶۳ab	۱/۸۲ab	۴/۶۲cd	۲/۸۳cd	۱/۷۹bcd	G6
۰/۶۳ab	۱/۸۹ab	۴/۳۱f	۲/۶۵d	۱/۶۶d	G7
۰/۶۵ab	۱/۷۳b	۴/۵۸cde	۲/۷۸cd	۱/۸۱bcd	G8
۰/۶۷ab	۱/۷۱b	۴/۷۴cd	۲/۸۴cd	۱/۹۱ab	G9
۰/۶۵ab	۱/۷۴ab	۴/۳۷ef	۲/۶۵d	۱/۷۱cd	G10

جدول شماره ۳: دسته‌بندی میانگین‌های ژنوتیپ‌ها از نظر ویژگی‌های مختلف کروموزومی به روش Duncan میانگین‌هایی که دارای حروف مشترک هستند در یک دسته قرار می‌گیرند.

فرمول کاربوتیبی	S/L	TL	%S	میانگین کل	DRL	%TF	ژنوتیپ
۱۲m+۹sm	۰/۴۸	۱۰۸/۴۴	۳/۲۸	۵/۱۶	۳/۴۵	۳۹/۵۸	G1
۱۱m+۱۰sm	۰/۳۷	۱۰۱/۱	۲/۷۰	۴/۸۱	۴/۵۲	۳۸/۸۷	G2
۱۳m+۸sm	۰/۴۳	۱۰۴/۶۶	۲/۷۹	۴/۹۸	۳/۶۱	۴۰/۵۹	G3
۸m+۱۲sm+۱st	۰/۳۸	۹۴/۶۸	۲/۶۴	۴/۵۰	۴/۲۲	۳۸/۶۴	G4
۸m+۱۱sm+۲st	۰/۴۲	۱۰۸/۶۸	۲/۶۹	۵/۱۷	۳/۶۲	۳۷/۰۸	G5
۸m+۱۲sm+۱st	۰/۳۶	۹۷/۱۲	۲/۳۶	۴/۶۲	۴/۰۸	۳۸/۸۴	G6
۱۰m+۱۰sm	۰/۳۸	۹۰/۶۹	۲/۵۳	۴/۳۱	۴/۱۵	۳۸/۴۷	G7
۱۰m+۱۱sm	۰/۴۸	۹۶/۲۱	۳/۲۵	۴/۵۸	۳/۵۰	۳۹/۵۱	G8
۱۳m+۷sm+۱st	۰/۳۴	۹۹/۶	۲/۵۱	۴/۷۴	۴/۸۵	۴۰/۲۷	G9
۱۰m+۱۱sm	۰/۴۱	۹۱/۷	۲/۹۴	۴/۳۷	۴/۱۴	۳۹/۲۸	G10

جدول شماره ۴: آمارهای سنجش تقارن کاربوتیبی.

% TF = درصد شکل کلی (Total From Percentage). DRL = اختلاف بین حداقل و حداکثر طول نسبی کروموزومها.
 % S = طول نسبی کوتاهترین کروموزوم. TL = طول کل یک دسته کامل کروموزومی. S/L = نسبت کوتاهترین کروموزوم به بلندترین کروموزوم.

جدول شماره ۵ - خلاصه‌ای از خصوصیات کروموزومی ژنوتیپ‌های *Festuca arundinacea* مورد مطالعه.

Ts	TI	TC	Ms/l	ms/l	MI/s	ml/s	MI	ml	Ms	ms	SC	LC	ژنوتیپ
۴۲/۹۳	۶۵/۶۳	۱۰۸/۴۱	۰/۹۳	۰/۴۳	۲/۴۰	۱/۱۰	۴/۱۰	۲/۱۰	۳/۲۳	۱/۵۰	۳/۵۶	۷/۳۰	G1
۳۹/۳	۶۲/۱۶	۱۰۱/۴۶	۰/۸۳	۰/۳۶	۳	۱/۲۰	۴	۱/۹۰	۳/۳۳	۰/۸۳	۲/۷۳	۷/۳۰	G2
۴۲/۴۹	۶۲/۲	۱۰۴/۶۹	۰/۸۶	۰/۴۳	۲/۹	۱/۱۶	۳/۷۶	۱/۷۰	۲/۹۰	۱/۳۰	۲/۹۳	۶/۷۰	G3
۳۶/۵۹	۵۷/۹	۹۴/۶۱	۱	۰/۳۶	۳/۱۶	۱	۳/۵۶	۱/۷	۲/۹	۰/۸۳	۲/۵۰	۶/۵۰	G4
۴۰/۳	۶۸/۸	۱۰۹/۱	۰/۸۰	۰/۴۰	۳/۱	۱/۳۰	۴/۲۰	۲/۱۰	۲/۷۳	۰/۸۳	۲/۹۳	۶/۸۶	G5
۳۷/۷۳	۵۹/۵۴	۹۷/۲۱	۰/۸۶	۰/۳۳	۳/۳۳	۱/۱۶	۳/۵۶	۱/۵۰	۲/۹۰	۰/۸۳	۲/۳۰	۶/۲۶	G6
۳۴/۸۹	۵۵/۹	۹۰/۶۹	۰/۹۳	۰/۴۰	۳	۱/۱۰	۳/۱۰	۱/۳۰	۲/۹۰	۱/۰۶	۲/۳۰	۶/۰۶	G7
۳۸/۰۲	۵۸/۴۸	۹۶/۲۱	۰/۹۳	۰/۴۳	۲/۶۶	۱/۰۶	۳/۳۳	۱/۹۰	۳/۱۰	۱/۲۶	۳/۱۳	۶/۵۰	G8
۴۰/۱۱	۵۹/۶۹	۹۹/۶	۰/۹۰	۰/۴۰	۳/۱۶	۱/۲۰	۳/۹۶	۱/۷۰	۳/۳۳	۰/۸۳	۲/۵۰	۷/۳۳	G9
۳۶/۰۵	۵۵/۷۹	۹۱/۷۷	۰/۴۶	۰/۶۶	۲/۹۳	۱/۰۶	۳/۳۳	۱/۷۰	۱۰/۳	۱/۰۶	۲/۷۰	۶/۵۰	G10

ط: طول بلندترین کروموزوم. SC = طول کوتاهترین کروموزوم. ms = حداقل طول بازوی کوتاه. Ms = حداکثر طول بازوی کوتاه. ml = حداقل طول بازوی بلند. MI = حداکثر طول بازوی بلند. ml/s = حداقل نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه کروموزوم. MI/s = حداکثر نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه کروموزوم. ms/l = حداقل نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه کروموزوم. Ms/l = حداکثر نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه کروموزوم. TC = مجموع طول بازوهای بلند. TI = مجموع طول بازوهای کوتاه. Ts = کلیه اندازه‌ها به میکرون می‌باشد.