ژنتیک نوین
دوره نهم، شماره ۲، تابستان ۱۳۹۳
صفحه ۱۹۸-۱۸۹

بررسی تنوع سیتوژنتیکی در جمعیت‌های شوید (*Anethum graveolens L.*)

Investigation of cytogenetic variation in dill (*Anethum graveolens* L.) populations

مجتبی راعی*[۱]، حسین زینلی[۲]، اردلان علیزاده[۱]

۱- به ترتیب دانش‌آموخته کارشناسی‌ارشد و استادیار دانشگاه آزاد اسلامی، استهبان، ایران.
۲- استادیار پژوهش، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اصفهان.

Raei M*[1], Zeinali H [2], Alizadeh A[3]

1. Graduate Student and Assistant Professor, Islamic Azad University, Estahban, Iran
2. Research Assistant, Isfahan agricultural and Natural Resources Research Center.

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mojtabaraei@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۲/۲/۹- تاریخ پذیرش: ۹۲/۷/۳۰)

چکیده

شوید یکی از گیاهان دارویی است که در طب سنتی و مدرن استفاده می‌شود. جمعیت‌های زیادی از این گیاه در سراسر ایران کشت می‌شوند. اطلاعات کمی درباره وضعیت سیتوژنتیکی این جمعیت‌ها وجود دارد. بنابراین این تحقیق به منظور بررسی صفات سیتوژنتیکی ۱۵ جمعیت گیاه شوید جمع‌آوری شده از نقاط مختلف در قالب یک طرح کاملا تصادفی با سه تکرار با استفاده از روش استو آهن هماتوکسیلین انجام شد. صفات اندازه‌گیری شده شامل تعداد کروموزم، طول بزرگترین کروموزم، طول کوچکترین کروموزم، نسبت طول بزرگترین به کوچکترین کروموزم، میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه، میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند، میانگین طول کروموزم‌ها و شاخص تقارن کاریوتیپی در هر جمعیت بود. بر اساس نتایج به دست آمده، عدد پایه کروموزمی در تمام جمعیت‌های مورد مطالعه x=11 و تعداد کروموزم 2n= 2x=22 بود. جمعیت‌های مورد مطالعه بر اساس روش دو طرفه استبینز، دو جمعیت گرگان و بهبهان را در کلاس 1A، جمعیت هلندی را در کلاس 2B و سایر جمعیت‌ها را در کلاس 2A قرار داد. بررسی عدم تقارن کاریوتیپی نشان داد که جمعیت‌های فریدن، هلندی و تیران دارای نامتقارن‌ترین کاریوتیپ و جمعیت‌های گرگان، بهبهان و شیراز دارای متقارن‌ترین کاریوتیپ بودند. دندروگرام حاصل از گروه‌بندی جمعیت ها بر مبنای ویژگی‌های کاریوتیپی، جمعیت‌ها را در چهار گروه قرار داد که از نتایج آن می‌توان جهت تعیین روابط تکاملی و جایگاه رده‌بندی جمعیت‌ها و انتخاب جمعیت‌های مناسب جهت تلاقی به منظور ایجاد تنوع استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی

تجزیه خوشه‌ای
شوید
سیتوژنتیک
کروموزوم
کاریوتیپ

Archive of SID

مقدمه

شوید با نام علمی *Anethum graveolens* L. از خانواده چتریان *Apiaceae* می‌باشد (Omid beygee 2005). ارتفاع این گیاه ۳۰ سانتی‌متر تا یک متر (گاهی بیشتر)، دارای ریشه راست و مخروطی شکل و به رنگ سفید است. طول ریشه متغیر و بین ۱۰ تا ۳۰ سانتی متر، ساقه منشعب، استوانه‌ای بی کُرک، برگ‌های تازه و خشک شده معطر می‌باشند (Rechinger and Hedge 1986). گیاه شوید بومی مناطق مدیترانه و آسیا (جنوب روسیه) و مشرق زمین بوده، امروزه در اکثر نقاط دنیا مخصوصا آلمان، هلند، هند، چین و ایالات متحده برای صادرات کشت می‌شود (Grieve 2011). در واقع سرزمین اصلی این گیاه اروپای جنوبی، خاورمیانه، ایران، قفقاز، حبشه و مصر است Zohary and Hopf (2000). بیشتر طبقه‌بندی‌های انجام شده در خانواده چتریان بر اساس صفات مورفولوژیک می‌باشد. خانواده *Apiaceae* دارای ۳۰۰-۴۵۰ جنس و ۳۰۰۰-۳۷۰۰ گونه می‌باشد (Pimenov et al. 2003). قدیمی‌ترین طبقه بندی توسط Drude (1897) بر اساس صفات مورفولوژیکی بوده است که این نوع طبقه‌بندی باعث ایجاد مشکلاتی در طبقه‌بندی این خانواده به خصوص در قبیله Umbeliferaceae شده است. با تحقیقات سیتولوژیکی انجام شده در این خانواده جمعیت‌های دیپلوئید تا پلی پلوئید با تنوع عدد کروموزومی 2n=11 تا 2n=154 و عدد پایه کروموزومی X=7,9,10,11 به دست آمده است (Ma et al. 1984; Rubatzky et al. 1999; Pimenov et al. 2003). اما اکثر گونه‌های زراعی در این خانواده مانند هویج (Iovene et al. 2008)، کرفس (Ronse 2010)، گشنیز (Bhandari and Gupta 1991) و رازیانه (Sheidai et al. 2007) و (Safaei et al. 2011) دیپلوئید (2n=2x=22) هستند. همچنین در ۳۵ گونه از این خانواده در کروموزوم‌ها، ستلایت شناسایی شده است (Carolina et al. 1984). از آنجا که جهت معرفی و اصلاح گیاهان دارای توان ژنتیکی بالا، شرط اصلی وجود تنوع ژنتیکی در جمعیت پایه می‌باشد تا شانس انتخاب افزایش یافته و امکان پیدا کردن صفات مطلوب بیشتر شود، لذا اولین قدم در توجه به ذخایر ژنتیکی، بررسی تنوع ژنتیکی موجود بین گونه‌ها و جمعیت‌های درون‌گونه‌ها می‌باشد. این نوع بررسی‌ها از نظر اقتصادی با ارزش بوده و کمک شایانی به پیشبرد برنامه‌های تحقیقاتی خواهد کرد. در همین راستا بررسی خصوصیات سیتوژنتیکی جمعیت‌های مختلف شوید به منظور شناسایی جمعیت‌های سازگارتر و دستیابی به عملکرد بیشتر از اهمیت بالایی برخوردار است.

مواد و روش‌ها

جمعیت‌های مورد مطالعه در این تحقیق شامل ۱۵ جمعیت شوید از گونه *Anethum graveolens* است. بذرها از مناطق مختلف کشور و یک نمونه از کشور هلند جمع‌آوری و توسط مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان اصفهان شناسایی شدند و در یک مطالعه آزمایشگاهی از لحاظ ویژگی‌های کاریولوژیکی مورد مطالعه قرار گرفتند.

به منظور بررسی کاریوتیپ جمعیت‌ها، ابتدا بذور توسط محلول ویتاواکس دو در هزار به مدت ۵ دقیقه ضدعفونی شده و بعد از ۴- ۳ روز نگهداری در ظرف آبی درون یخچال، داخل پتری دیش و روی کاغذ صافی اشباع کشت شدند. مرحله جوانه زنی در دمای متناوب ۲۳-۱۸ درجه سانتی‌گراد و ۱۶ ساعت روشنایی و ۸ ساعت تاریکی صورت گرفت. جوانه‌زنی بذرها با توجه به خصوصیات بذور بین ۴-۳ روز به طول انجامید. ریشه‌گیری در زمان های مختلف و در فواصل زمانی معین انجام شد و در ساعت ۸/۵-۷/۵ صبح، بیشترین فراوانی در تقسیم میتوز مشاهده شد. پس از آن ریشه‌چه‌ها در محلول پیش تیمار آلفا برومونفتالین یک درصد به مدت ۳ ساعت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد در یخچال قرار داده شدند و به منظور تثبیت کروموزوم‌ها و جلوگیری از کوتاه شدن بیش از حد آن‌ها از ترکیب لویتسکی به مدت ۳۶ ساعت استفاده شد. پس از شستشوی نمونه‌ها آن‌ها را به اتانول ۷۰ درصد منتقل و در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد در یخچال نگهداری شدند و برای هیدرولیز از محلول یک نرمال سود در دمای ۶۵-۶۰ درجه سانتی‌گراد برای مدت ۱۰ دقیقه استفاده شد. برای رنگ‌آمیزی از رنگ استو ـ آهن ـ هماتوکسین استفاده شد. ریشه‌های آماده شده به مدت یک ساعت در دمای محیط آزمایشگاه در رنگ قرار داده شدند. بعد از این مدت، ریشه‌ها را به آب مقطر منتقل کرده تا رنگ اضافی ریشه‌ها به آب منتقل شود.

Archive of SID
www.SID.ir

نمونه‌های میکروسکوپی پس از آماده‌سازی جهت مطالعه به زیر عدسی میکروسکوپ منتقل شدند. میکروسکوپ مورد استفاده ساخت شرکت Olympus مدل BX-40 که مجهز به دوربین ویدیویی Canon بود. از متافازهای خوب با عدسی ۱۰۰ میکروسکوپ عکس‌برداری انجام شد. عکس‌های گرفته شده با وضوح مناسب و پراکنش بالا را انتخاب و پس از جدا کردن کروموزوم‌ها در Photoshop CS2 کروموزوم‌های همولوگ را در کنار هم قرار داده و کاریوگرام آن‌ها رسم شد. با استفاده از کاریوگرام‌ها پارامترهای کاریوتیپی با نرم‌افزار Micromeasure 3/3 اندازه‌گیری شدند (Reeves 2001). این نرم‌افزار پارامترهای طول کل ژنوم، اندازه بازوی بلند، اندازه بازوی کوتاه، نسبت بازوهای بلند به کوتاه، شاخص ضریب سانترومری (CI) و طول نسبی کروموزوم (RL) را بر حسب میکرون در برنامه Excel ۲۰۱۰ ارائه می‌دهد. دیگر پارامترهای مورد استفاده مانند TF% ، DRL ، Arm ratio، ضرایب نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1) و بین کروموزومی (A2)، ضریب تغییرات طول کروموزوم (CVcl)، ضریب تغییرات شاخص سانترومری (CVci) و ضریب عدم‌تقارن کروموزومی (AI) با استفاده از روابط مربوط در برنامه Excel محاسبه شدند. برای محاسبه این صفات از میانگین داده‌های سه متافاز استفاده شد. آیدیوگرام مربوط به هر جمعیت نیز در برنامه Excel ۲۰۱۰ رسم شد. برای مشخص کردن نوع کروموزوم‌های کاریوتیپ از جدول (Levan et al. 1964) استفاده شد. برای تعیین جایگاه کروموزومی گونه‌ها از نظر تکاملی از روش (Stebbins 1971) و برای تعیین درجه نامتقارنی کروموزوم‌ها از روش رومروزارکو (Romero zarco 1989) استفاده شد. برای گروه‌بندی و مقایسه تفاوت‌های کاریوتیپی جمعیت‌ها از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward,s و معیار فاصله اقلیدوسی استفاده شد. برای تعیین محل برش دندروگرام، از روش مشاهده‌ای و تجزیه واریانس طرح کاملا تصادفی استفاده شد. در این روش ژنوتیپ‌های درون هر گروه به عنوان تکرار و گروه‌ها به عنوان تیمار تجزیه و تحلیل شدند. بر این اساس بهترین گروه‌بندی که داده‌های بدست آمده را توجیه کند انتخاب شد. دندروگرام مربوطه نیز جهت دسته‌بندی کاریوتیپ‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS رسم شد.

نتایج و بحث

خصوصیات ۱۱ کروموزوم هاپلوئید جمعیت‌های مورد مطالعه (۱۵ جمعیت) مشخص و با استفاده از روش استبینز (Stebbins 1971) به لحاظ تقارن کاریوتیپی مورد مقایسه قرار گرفته و فرمول کاریوتیپی آن ها نیز به روش Levan et al. (1964) تعیین شد (جدول۱). نتایج نشان داد که جمعیت‌های مورد مطالعه، دیپلوئید بوده و تعداد کروموزم آنها برابر با 2n=2x=22 بود. مقایسه کاریوتیپ‌ها نشان داد که اغلب جمعیت‌ها در کلاس 2A استبینز قرار می‌گیرند. دو جمعیت گرگان و بهبهان در کلاس 1A قرار گرفته و ۱۱ کروموزوم مشاهده شده آن متاسنتریک بود. جمعیت هلندی در کلاس 2B قرار گرفت. جمعیت‌های تهران و شیراز فاقد ساتلایت و بقیه جمعیت‌ها دارای ساتلایت بود. هر چند که مکان ساتلایت‌ها و تعداد آنها در جمعیت‌ها متفاوت بود. جمعیت‌های هرند، گرگان و اردستان دارای دو ساتلایت بر روی کروموزوم‌های متاسنتریک بودند. جمعیت کاشان دو ساتلایت بر روی کروموزوم‌های متاسنتریک و ساب متاسنتریک داشت. از نظر مکان ساتلایت، تفاوت‌هایی بین جمعیت‌های مورد مطالعه مشاهده شد و جمعیت‌هایی که در کروموزوم‌های یکسان ساتلایت داشتند، در نوع تیپ کروموزوم تفاوت نشان داد. کروموزوم ساتلایت دار شماره ۵ فریدن و قائنات به ترتیب متاسنتریک و ساب متاسنتریک بودند. همچنین جمعیت ده دز دارای ساتلایت در کروموزوم ۶ تلوسنتریک بود. جمعیت‌های اردستان، هرند، شیراز و همدان دارای کروموزوم ساب تلوسنتریک بودند.

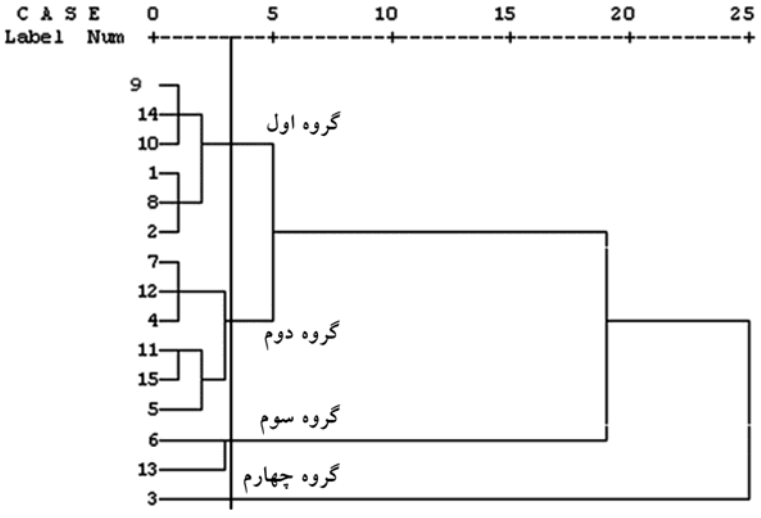
تجزیه خوشه‌ای به روش Ward's و با استفاده از صفات کاریوتیپی بر روی ۱۵ جمعیت مورد مطالعه، جمعیت‌ها را در چهار گروه متفاوت قرار داد (شکل۱). گروه اول شامل جمعیت‌های تهران، ورامین، قائنات، هرند، ده دز وفریدن بود. گروه دوم جمعیت‌های همدان، کاشان، تیران، بهبهان، شیراز و دزفول را شامل شد. در گروه سوم جمعیت‌های گرگان و اردستان و در گروه چهارم تنها جمعیت هلندی قرار گرفت.

Archive of SID
www.SID.ir

جدول۱- بررسی پارامترهای سطح پلوئیدی، تعداد کروموزوم، دسته کاریوتیپی به روش Stebbins و فرمول کاریوتیپی جمعیت‌های مورد مطالعه

شماره	گونه	جمعیت	سطح پلوئیدی و تعداد کورموزوم	دسته کاریوتیپی استبینز	فرمول کاریوتیپی
۱	*Anethum graveolens*	هرند	2n=2x=22	2A	6m+ 2 m ^{sat} +Sm + 2St
۲	*Anethum graveolens*	فریدن	2n=2x=22	2A	5m + m ^{sat} +5Sm
۳	*Anethum graveolens*	هلندی	2n=2x=22	2B	9m+ m ^{sat}+ Sm
۴	*Anethum graveolens*	تیران	2n=2x=22	2A	9m+ m ^{sat} +Sm
۵	*Anethum graveolens*	دزفول	2n=2x=22	2A	10m+ Sm ^{sat}
۶	*Anethum graveolens*	گرگان	2n=2x=22	1A	9m+ 2 m ^{sat}
۷	*Anethum graveolens*	همدان	2n=2x=22	2A	9m+ Sm + St ^{sat}
۸	*Anethum graveolens*	ده دز	2n=2x=22	2A	8m+2Sm + T ^{sat}
۹	*Anethum graveolens*	تهران	2n=2x=22	2A	10m + Sm
۱۰	*Anethum graveolens*	قائنات	2n=2x=22	2A	9m+Sm ^{sat}+ Sm
۱۱	*Anethum graveolens*	بهبهان	2n=2x=22	1A	10m + m^{sat}
۱۲	*Anethum graveolens*	کاشان	2n=2x=22	2A	5m + + m^{sat} + Sm^{sat} + 4Sm
۱۳	*Anethum graveolens*	اردستان	2n=2x=22	2A	6m + 2m^{sat} + 2Sm + St
۱۴	*Anethum graveolens*	ورامین	2n=2x=22	2A	9m + Sm^{sat} + Sm
۱۵	*Anethum graveolens*	شیراز	2n=2x=22	2A	10m +St

M) متاسنتریک؛ Sm) ساب متاسنتریک؛ St) ساب تلوسنتریک؛ Sat) ساتلایت؛ T) تلوسنتریک



شکل۱- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ویژگی‌های کاریوتیپی به روش Ward's

Archive of SID
www.SID.ir

بیشترین شباهت و نزدیکی در جمعیت‌های تهران و ورامین و کمترین شباهت بین جمعیت‌های هرند و هلندی بود.

نتایج شمارش کروموزومی نشان داد که همه توده‌ها دیپلویید و دارای ۲۲ کروموزوم بوده‌اند. با تحقیقات سیتولوژیکی انجام شده در این خانواده جمعیت‌های دیپلوئید تا پلی پلوئید با تنوع عدد کروموزومی 2n=11 تا 2n=154 و عدد پایه کروموزومی X=7,9,10,11 بدست آمده است (Ma et al. 1984; Rubatzky et al. 1999; Pimenov et al. 2003). همه جمعیت‌ها به جز دو جمعیت تهران و شیراز دارای ساتلایت بودند که تعداد و محل قرارگیری ساتلایت با تغییرات مواجه است. تغییرات محل ساتلایت‌ها احتمالا تحت‌تاثیر تغییرات اندازه کروموزوم‌ها و جابه جایی ترتیب کروموزوم‌ها در آیدیوگرام جمعیت‌ها می باشد. همچنین با بررسی کروموزم‌های مختلف در ۳۵ گونه از این خانواده، ساتلایت شناسایی شده است (Carolina et al. 1984).

قرارگیری اکثر جمعیت ها در کلاس تقارن 2A بیانگر تقارن کاریوتیپی بالا در بین جمعیت‌های مورد مطالعه می‌باشد که کروموزوم‌ها نسبتا متقارن هستند و سانترومر در نقطه میانی یا تقریبا میانی قرار دارد و فرمول کاریوتیپی آن ها نیز نشان‌دهنده این مطلب نیز هست. پس می توان گفت که اغلب گونه‌ها در مراحل ابتدایی تکامل قرار داشته که با نتایج حاصل از فرمول کاریوتیپی نیز هماهنگ است. با توجه به این که جمعیت‌ها از یک گونه می باشند تفاوت در کلاس استبینز در دو جمعیت گرگان و هلندی می‌تواند به دلیل تغییرات در آرایش کروموزم‌ها و احتمالا ناشی از داده‌های مرزی جهت تعیین دسته کاریوتیپی و یا تکامل یافتگی جمعیت‌ها باشد. نتایج دسته‌بندی کاریوتیپ‌ها به روش استبینز در گرفس کوهی *Kelussia odoratissima* (Jaberollansar 2005)، *Ducrosia* (Obeid et al. 2012)، *Coriandrum*، *Cuminum*، *Foeniculum*، *Orlaya*، *Pastinaca* و *Anethum* نشان دادند که کروموزم‌ها بیشتر متاسنتریک و ساب متاسنتریک هستند و کاریوتیپ جمعیت‌ها بیشتر متقارن مشاهده شده است. همچنین جمعیت‌ها در کلاس 2A و 2B قرار گرفتند (Iovene et al. 2008).

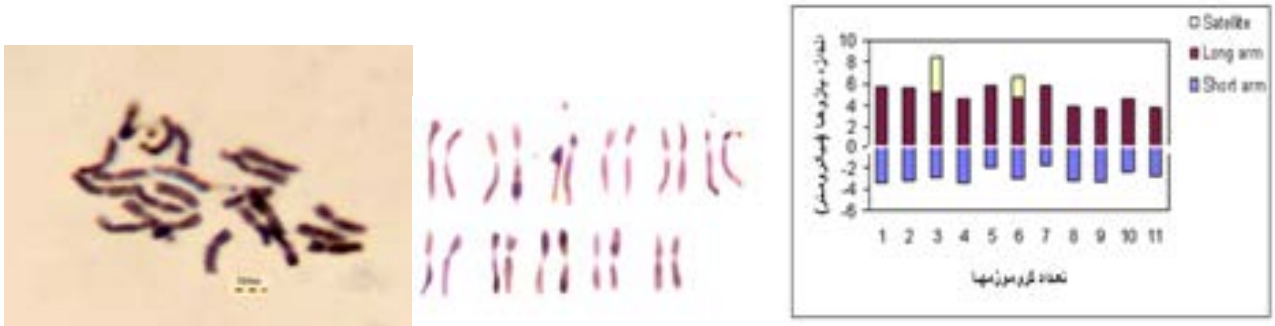
در جمعیت های مورد مطالعه هر چهار تیپ کروموزوم جدول لوان (Levan et al. 1964) مشاهده شد. در *Apium graveolens* نیز چهار نوع تیپ کروموزوم مشاهده شده است (Ronse et al. 2010). درمطالعه دیگری سه دسته کروموزوم به فرمول کاریوتیپی 8 m + 2 sm + 1 st در *Anethum graveolens* گزارش شده است (Levan et al. 2008). در جمعیت ده دز، کروموزوم تلوسنتریک مشاهده شد که می‌تواند از کروموزوم‌های متا یا آکروسنتریک از طریق شکستگی در نواحی سانترومری بوجود آمده باشد و با سنتز مقدار کافی مواد سانترومری جدید ترمیم شوند.

تنوع مشاهده شده در اندازه کروموزوم‌ها را می‌توان با تغییر در مقدار کروماتین کروموزوم‌ها مرتبط دانست. با توجه به این که اگر کاهش طول کروموزوم ناشی از حذف قسمت‌هایی در طول کروموزوم باشد احتمالا هتروکروماتین گزینه‌ای منطقی جهت حذف شدن از طول کروموزوم می‌باشد و با توجه به این که در اغلب موارد ژن‌های مهمی روی قسمت‌های هتروکروماتینی وجود ندارد، گیاه با بروز صفات مواجه نشده و مسیر تکاملی خود را ادامه می دهد و حتی می‌توان این موضوع را با استفاده از عقیده (Stebbins 1971) مبتنی بر متکامل‌تر بودن کاریوتیپ‌های نامتقارن توجیه کرد (شکل۲).

با بررسی تقارن کاریوتیپ توده‌ها بر اساس پارامترهای ضریب تغییرات طول کروموزومی و شاخص سانترومری، درصد کل فرم، طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم، اندیس نامتقارن بودن درون-کروموزومی و بین‌کروموزومی و دامنه طول نسبی، جمعیت‌های فریدن، هلندی و تیران دارای نامتقارن‌ترین کاریوتیپ و جمعیت های گرگان، بهبهان و شیراز دارای متقارن‌ترین کاریوتیپ بودند.

بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای، جمعیت‌ها به چهار گروه طبقه‌بندی شدند. گونه‌هایی که در یک گروه قرار می‌گیرند، صفات کاریوتیپی مشابهی داشته و در نتیجه در تلاقی ممکن است درصد باروری افزایش یابد. با توجه به کمترین شباهت بین جمعیت‌های هرند و هلندی، احتمالا بیشترین تنوع در تلاقی بین این دو جمعیت می‌تواند بدست آید. بنابراین می‌توان با استفاده از نتایج به دست آمده جمعیت‌های مناسب را انتخاب و از طریق

Archive of SID
www.SID.ir



الف)

ب)

ج)

د)

شکل۲- صفحه متافازی، کاریوگرام و آیدیوگرام. الف) جمعیت هرند؛ ب) جمعیت فریدن؛ ج) جمعیت هلندی؛ د) جمعیت تیران؛ ه) جمعیت دزفول؛ و) جمعیت گرگان؛ ز) جمعیت همدان؛ ح) جمعیت ده دز؛ ط) جمعیت تهران؛ ی) جمعیت قائنات؛ ک) جمعیت بهبهان؛ ل) جمعیت کاشان؛ م) جمعیت اردستان؛ ن) جمعیت ورامین؛ س) جمعیت شیراز.

ادامه شکل ۲)

ه)

و)

ز)

ح)

www.SID.ir

ادامه شکل ۲)

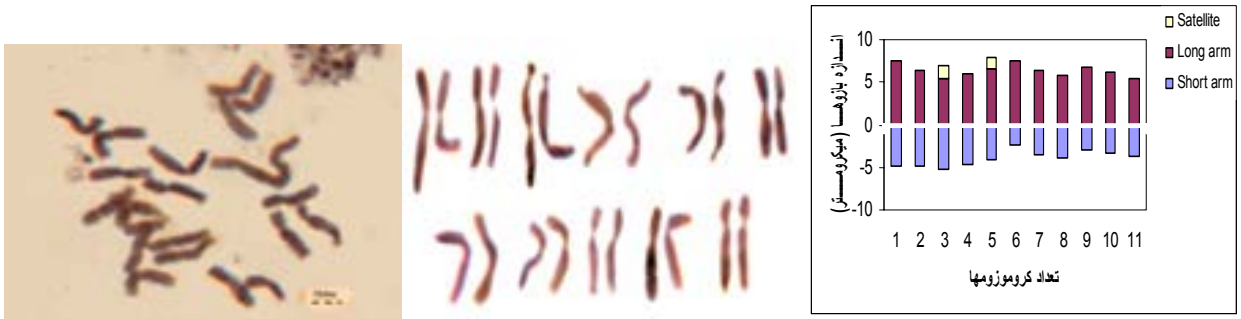
ط)

ی)

ک)

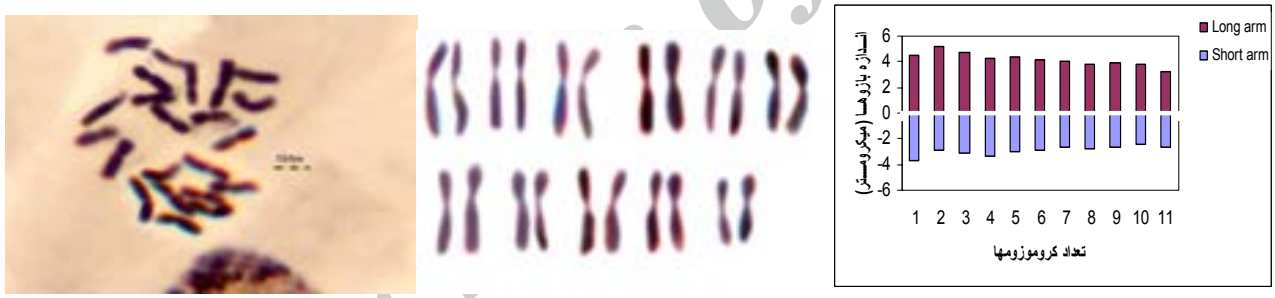
ل)

ادامه شکل۲)



م)

ن)



س)

برنامه‌های به‌نژادی مانند تلاقی پلی کراس، اقدام به تولید ارقام با خصوصیات زراعی مطلوب کرد. همچنین از نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای می‌توان جهت تعیین جایگاه رده‌بندی جمعیت‌ها و انتخاب جمعیت‌های مناسب جهت تلاقی استفاده کرد.

منابع

Bhandari M, Gupta A (1991) Variation and association analysis in coriander. Euphytica 58:1-4.
Bralewski TW, Szopińska D, Morozowska M (2005) Study for the evaluation of dill (*Anethum graveolens* L.) seeds quality. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca 6: 20-25.
Carolina I, Martínez G, Downie SD (1984) Morphology and biogeography of apiaceae subfamily saniculoideae as inferred by phylogenetic analysis of molecular data. American Journal of Botany 95:196-214.
Drude O (1898) Umbelliferae. In A. Engler and K. Prantl [eds.], Die naturlichen Pflanzenfamilien 8:63-150.
Grieve M (2011) A Modern Herbal. Available at www. Botanical.com.
Jaberollansar Z (2005) Study of Genetic Variation among Kelussia Odorat Issima Mozaff. Accessions on Chromsomes and Germination Traits. Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.
Levan A, Fredga K, Sandberg A (1964) Nomenclature for centromeric position on chromosome. Hereditas 52:201-220.

www.SID.ir

Iovene M, Grzebelus E, Carputo D, Jiang J, Simon PW (2008) Major cytogenetic landmarks and karyotype analysis in Daucus carota and other Apiaceae. American Journal of Botany 95:793-804.
Ma XH, Qin RL, Xing WB (1984) Chromosome observations of some medical plants in Xinjiang. Acta Phytotaxonomica Sinica 22:243-249.
Obeid L, Mehrabi AL, Omidi M, Oladzad A (2012) Karyotype analysis and meiotic behaviors of Ducrosia anethifolia: The first case study. African Journal of Agricultural Research 7:4589-4595.
Omid beygee R (2005) Method of Production and Output in Medicines Plant. ISSU Astan Ghods Razavy, Mashhad, Iran.
Pimenov MG, Vasileva MG, Leonov MV, Dauschkevich JV (2003) Karyotaxonomical analysis in the Umbelliferae. Science Publishers, New Hampshire, USA.
Rechinger KH, Hedge IC (1986) Umbelliferae. In: Rechinger. KH Flora Iranica. Graz: Akademische Druck-u. Verlagsanstatlt 162:596.
Reeves A (2001) Micromeasure: A new computer program for the collection and analysis of cytogenetic data. Genome 44:439-443.
Romero Zarco C (1986) A new method for estimating karyotype asymmetry. Taxon 35:526-530.
Ronse C, Popper A, Preston JC, Watson MF (2010) Taxonomic revision of European Apium L. S.L.: Helosciadium W.D.J.Koch Restored. Plant Systematics and Evolution 287:1-17.
Rubatzky VE, Quiros CF, Simon PW (1999) Carrots and Related Vegetable Umbelliferae. Crop Production Science in Horticulture Series, New York, USA.
Safaei L, Zeinali H, Afiuni D (2011) Study of genetic variation of agronomic characteristics in Foeniculum vulgare Mill. Genotypes. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research 19:167-180.
Sheidai M, Kalhor-Home N, Poorneydanei A (2007) Cytogenetic study of some populations of Foeniculum vulgare (Umbelliferae) in Iran. Caryologia 3:257-261.
Stebbins GL (1971) Chromosomal Evolution in Higher Plants. Edward Arnold Ltd, London UK.
Zohary D, Hopf M (2000) Domestication of plants in the Old World, 3rd edn. University Press, Oxford.

Archive of SID

www.SID.ir