دو فصلنامهٔ علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۱۷، شمارهٔ ۱، صفحهٔ ۱۲۱-۱۱۲ (۱۳۸۸)

بررسی قرابت بین گونه‌ای در هشت گونه از جنس *Tragopogon* براساس ویژگی‌های کاریوتیپی

رویا مقیمی‌فام[۱*]، میر حبیب منافی[۲] و احمد رزبان حقیقی[۳]

۱*- نویسنده مسئول مکاتبات، کارشناس ارشد، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان‌شرقی، تبریز
پست الکترونیک: roya_moghimifam@yahoo.com
۲- دانشیار، دانشگاه تبریز،
۳ – مربی پژوهشی، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان‌شرقی، تبریز

تاریخ دریافت: ۱۳۸۷/۱۱/۲۳ **تاریخ پذیرش: ۱۳۸۸/۳/۱۹**

چکیده

بذر هشت گونه مختلف از جنس شنگ (*Tragopogon*) به شرح زیر از آذربایجان‌شرقی جمع‌آوری و مورد مطالعه قرار گرفت (*T. montanus*، *T. pusillus*، *T. graminifolius*، *T. vaginatum*، *T. Choloratum*، *T. reticulatum*، *T. rezaiyensis* و *T. buphthalmoides*) مطالعات کاریوتیپی توسط ۵ سلول متافازی برای هرگونه انجام شد. با استفاده از کروموزوم‌های متافازی حاصل از مریستم انتهایی ریشه، عدد پایه کروموزومی در گونه‌های مورد بررسی بین x= ۶ (۴ گونه دیپلوئید و دو گونه تتراپلوئید) و x =۷ (۲ گونه دیپلوئید) متغیر بود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی براساس کلیه صفات کروموزومی نشان داد که بر مبنای مولفه‌های اول و دوم، نقش متغیرهای طول بازوی بلند، طول کل کروموزوم و درصد طول بازوی بلند در گروه‌بندی گونه‌های شنگ مهم می‌باشد. گونه‌های مورد مطالعه براساس ویژگیهای کاریوتیپی اندازه‌گیری شده از طریق روش تجزیه به مولفه‌های اصلی‌گروه بندی گردیدند. همین‌طور گونه‌های مورد مطالعه براساس میانگین ویژگیهای کاریوتیپی و با استفاده از تجزیه کلاستر دسته‌بندی شده و قرابت آنها ارزیابی گردید. بر این اساس گونه‌ها به ۴ دسته تقسیم شدند، به نحوی که گونه‌های هر گروه از نظر تنوع کاریوتیپی یکسان بودند. میانگین نسبت بازوها در گروه‌های چهارگانه به‌ترتیب برابر بود با ۱/۰۹، ۲/۰۵، ۱/۹۱ و ۱/۷۰ میکرون. در گروه اول گونه‌هایی قرار گرفتند که از لحاظ مورفولوژی کروموزومی متاسانتریک (m) بوده و در سایر گروه‌ها گونه‌هایی قرار گرفتند که از لحاظ مورفولوژی کروموزومی ساب‌متاسانتریک (sm) بودند. گونه‌هایی که در گروه‌های ۲، ۳ و ۴ قرارگرفتند (*T. vaginatum*، *T. pusillus*، *T. choloratum*، *T. buphthalmoides*، *T. graminifolius* و *T. montanus*) نسبت به گونه‌های گروه یک (*T. reticulatum*، *T. rezaiyensis*) نامتقارن‌تر بودند. به عبارت دیگر، کاریوتیپ آنها از لحاظ تکاملی متکامل‌تر از گونه‌های گروه یک بود.

واژه‌های کلیدی: قرابت بین گونه‌ای، تجزیه چند متغیره، کاریوتیپ، شنگ.

مقدمه

جنس شنگ (*Tragopogon*) متعلق به تیره کمپوزیته و یک جنس پیچیده از لحاظ تاکسونومیکی است که در اوراسیا تقریبا ۱۵۰ گونه علفی دوساله و چندساله دارد و بیش از ۱۵ گونه آن در آذربایجان از پراکندگی وسیعی برخوردار است. گیاه شنگ گیاهیست علفی دوساله، بلندی

Archive of SID
www.SID.ir

آن در زمین‌های رسی ۱۵-۱۰ سانتی‌متر و در اراضی دشت نسبتا مرطوب و علف‌زارها گاهی تا ۸۰ سانتی‌متر هم می‌رسد. این گیاه در چمن‌زارهای مرطوب و نیز ارتفاعات آذربایجان می‌روید (Davis, 1984; Bonnier, 1964; Rechinger, 1977). در زمینه مطالعات سیتوتاکسونومیکی با وجودی که بیشترگونه‌های آن دیپلوئید است (Soltis *et al*., 2004 ; Ownbey, 1950) حداقل ۱۲ گونه اوراسیایی آن پلی‌پلوئید هستند که در جدول ۱ ارائه شده‌اند (Nazarova, 1991, Ghaffari, 1999, Guardia & Blanca, 2004).

جدول ۱- فهرست گونه‌های پلی‌پلوئید اورآسیایی جنس *Tragopogon*

ردیف	نام گونه	تعداد کروموزوم (2n)
۱	*T. buphthalmoides*	۲۴،۳۶
۲	*T. castellanus*	۲۴
۳	*T. coloratus*	۱۲،۲۴
۴	*T. cupani*	۱۲،۲۴
۵	*T. gracilis*	۲۴
۶	*T. graminifolius*	۱۲،۲۴،۳۶
۷	*T. reticulatus*	۱۲،۲۴،۳۶،۵۶،۵۸
۸	*T. latifolius*	۱۲،۲۴
۹	*T. tuberosus*	۲۴
۱۰	*T. kashmirianus*	۲۴
۱۱	*T. ptaerocarpus*	۱۲،۲۴
۱۲	*T. cazorlanum*	۲۴

البته درصد دقیق پلی‌پلوئیدهای اوراسیایی *Tragopogon* ناشناخته است. بدون شک پلی‌پلوئیدهای زیادتری در *Tragopogon* رخ داده است، چرا که فقط برای ۴۶ گونه آن شمارش کروموزومی انجام شده است. تتراپلوئیدهای *T. castellanus*، (Blanca and Guardia, 1996) و *T. cazorlanum*، (Guardia and Blanca, 2004) هر دو جدیدا از اسپانیا گزارش شده‌اند. گونه *T.soltisiorum* Mavrodiev نیز گونه تتراپلوئید دیگری است که اخیرا از شمال روسیه گزارش شده است (Mavrodiev *et al*., 2008). روابط درون گونه‌ای جنس شنگ قبلا بصورت ضعیفی مطالعه شده است و هیچ وقت بصورت گسترده بر روی آن تأکید نشده است. در نتیجه روابط درون جنس به صورت نامشخص باقی مانده است (Mavrodiev *et al*., 2005).

در این تحقیق به بررسی سیتوژنتیکی گونه‌های مختلف از جنس شنگ (*Tragopogon* L) با اهداف زیر پرداخته شد. ۱- شمارش کروموزومی و تعیین سطوح پلوئیدی ۲- ارائه جدول کاریوتیپ برای گونه‌ها و تجزیه آنها براساس ویژگی‌های کروموزومی ۳- تعیین تقارن کاریوتیپی با استفاده از فاکتورهای مختلف ۴ - تعیین میزان تشابه گونه‌ها با استفاده از تجزیه کلاستر.

Archive of SID

www.SID.ir

مواد و روشها

گونه‌های مورد نظر پس از جمع‌آوری و با استفاده از منابع در دسترس شناسایی شدند. نمونه‌های هرباریومی این گونه‌ها در هرباریوم دانشکده علوم دانشگاه تبریز موجود می‌باشند. مطالعات کروموزومی معمولاً به دو صورت انجام می‌گیرد. الف) مطالعه کروموزوم‌های هسته-ای در تقسیم میوز (معمولاً در سلول‌های مادری گرده) ب) مطالعه کروموزوم‌های هسته‌ای در تقسیم میتوز (معمولاً در سلول‌های مریستم ریشه)، (Stebeans, 1989). این تحقیق از نوع مطالعه کروموزوم‌ها در مرحله متافازی در تقسیم میتوز بود. به این منظور اولین مرحله تهیه مریستم ریشه‌ای از گونه‌های مورد نظر بود که به این منظور بذرهای گونه‌های مورد نظر جمع‌آوری و پس از شستشو و ضدعفونی با آب ژاول رقیق شده، به نسبت ۷ :۱ و به مدت ۵ دقیقه، نمونه‌ها در داخل پتری دیش در دمای اتاق قرار داده شدند تا جوانه بزنند. ریشه‌هایی را که به اندازه ۰/۵ الی ۱ سانتی‌متر طول داشتند از بذر جدا کرده و در مرحله بعد مورد استفاده قرار گرفتند (Moghimifam, 2002).

جهت پیش‌تیمار از آلفا برمونفتالین استفاده شد. هدف از پیش‌تیمار متوقف کردن مراحل میتوزی در سلول‌هاست. تثبیت جهت نگهداری ریشه‌ها به مدت طولانی صورت می‌گیرد. به این منظور از تثبیت‌کننده کارنوی استفاده شد؛ به این صورت که بعد از خاتمه پیش‌تیمار ریشه‌ها را با آب مقطر شستشو داده و درون محلول کارنوی قرار داده شدند. جهت رنگ‌آمیزی از محلول فولگن استفاده شد. به این منظور ریشه‌ها بمدت ۳ تا ۴ ساعت در محلول فولگن قرار داده شدند. در ادامه، ریشه‌ها از محلول رنگ خارج شده و با قرار گرفتن در یک قطره اسید استیک ۴۵٪ بر روی لام مورد مطالعه قرار گرفتند. بعد نیم میلی‌متر انتهایی ریشه که شامل مریستم انتهایی ریشه است قطع شده و با روش اسکواش لام‌ها آماده مشاهدات میکروسکوپی شدند.

تصویر برداری لام‌ها به وسیله سیستم مونیتورینگ متصل به فتومیکروسکوپ انجام شد. بعد از تصویرها اطلاعات مربوط به مشخصات کروموزومی تهیه گردید. با استفاده از نرم‌افزار Micro Measure اطلاعات کروموزومی از قبیل طول بازوی کوتاه، طول بازوی بلند، نسبت اندازه بازوها به هم و محل سانترومر اندازه‌گیری شد (جدولهای۳و۴). برای مطالعه کاریوتیپ از پارامترهای مختلفی به شرح زیر استفاده گردید.

۱- نسبت طول بازوی بلند به کوتاه (L/S)

۲- تیپ کروموزوم‌ها(با استفاده از نسبت بازوها و براساس روش لوان و ساندبرگ ،۱۹۶۵).

۳- شاخص سانترومری (CI) براساس رابطه زیر:

طول کل کروموزوم / طول بازوی کوتاه

CI=S/(L+S)=

۴- طول نسبی بازوی کوتاه کروموزوم(S%) :

۱۰۰× (مجموع طول کل کروموزوم‌ها / طول بازوی کوتاه) =[S/∑(L+S)×100]=S%

۵- طول نسبی بازوی بلند کروموزوم (L%):

۱۰۰× (مجموع طول کل کروموزوم‌ها / طول بازوی بلند) =[L/∑(L+S)×100]=L%

۶- درصد شکل کلی کاریوتیپ(TF%):

این مشخصه برای بیان وضعیت تقارن کاریوتیپ است. هنگامی که مقدار آن به ۵۰٪ برسد نشان‌دهنده قرار گرفتن سانترومرها در وسط کروموزوم و کاریوتیپ متقارن و

Archive of SID

www.SID.ir

هرچه از ۵۰٪ کمتر باشد نشان‌دهنده وجود کروموزوم‌هایی با سانترومر انتهایی و کاریوتیپ نامتقارن می‌باشد.

۱۰۰× (مجموع طول کل کروموزوم ها /مجموع طول کل بازوهای کوتاه) =TF%

۷- اختلاف دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها (DRL): اگر اختلاف طول نسبی کمتر باشد تقارن کاریوتیپ بیشتر است و بعکس،

طول نسبی بلندترین کروموزوم - طول نسبی کوتاهترین کروموزوم =DRL

۸- میزان کروماتین نسبی (R.C.V) : از نسبت مجموع طول کل کروموزوم ها به تعداد کروموزوم‌ها بدست می‌آید.

۹- A_1 اندیس نامتقارن بودن درون کروموزومی است، اگر A_1 مساوی صفر همه کروموزوم‌ها متاسانتریک و اگر به یک نزدیک باشد به طرف تلوسانتریک پیش می‌رود.

برای محاسبات آماری داده‌های بدست آمده از نرم‌افزار Excel و SPSS استفاده شد.

از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای به منظور بررسی روابط و خویشاوندی احتمالی گونه‌های مورد نظر استفاده گردید.

نتایج و بحث

در اثر تجزیه به مؤلفه‌های اصلی دو مؤلفه اول توانستند بیش از ۸۰٪ از واریانس کل را توجیه نمایند (جدول۵). در جدول ۶ مقادیر بردارهای راکد برای مولفه‌های اصلی درج شده است، این مقادیر می‌تواند در امر گروه‌بندی گونه‌ها مورد استفاده قرار گیرد. لازم به توضیح است که از روش‌های مختلف تجزیه چند متغیره تاکنون در تجزیه و تحلیل گونه‌ها و جنس‌های مختلف گیاهان مرتعی استفاده شده و نشان داده شده که از این روش‌ها حتی می‌توان در تفکیک گونه‌های یک جنس نیز استفاده نمود (Mirzaie-Nodoushan & Shariat, 2002، Mirzaie-Nodoushan *et al.*, 2005 و Azad *et al.*, 2005). براساس نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در این تحقیق صفات طول بازوی بلند و طول کل کروموزوم و درصد طول بازوی بلند از بقیه صفات در گروه‌بندی گونه‌های شنگ موثرتر هستند. میانگین نسبت بازوها در گروه اول برابر ۱/۰۹، درگروه دوم برابر ۲/۰۵، در گروه سوم ۱/۹۱ و در گروه چهارم برابر ۱/۷۰ میکرون می‌باشد (جدول۸). در گروه اول گونه‌هایی قرار گرفته‌اند که از لحاظ مورفولوژی کروموزوم متاسانتریک (m) بوده و در سایر گروه‌ها گونه‌هایی قرار دارند که از لحاظ مورفولوژی کروموزوم، ساب‌متاسانتریک (sm) هستند. گونه‌هایی که در گروه‌های ۲، ۳ و ۴ قرار گرفته‌اند *T.vaginatum*، *T.pusillus*، *T.choloratum*، *T.buphthalmoides*، *T.graminifolius*، و *T.montanus* هستند که نسبت به گونه‌های گروه یک *T. reticulatum*، *T. rezaiyensis*، نامتقارن‌تر هستند. به عبارت دیگر کاریوتیپ آنها از لحاظ تکاملی متکامل‌تر از گونه‌های گروه یک است.

Archive of SID

www.SID.ir

جدول۲- عدد پایه کروموزومی گونه‌های شنگ *Tragopogon* L.

گونه	۲n	x
T.rezaiyensis Rech F.	۲۴	۶
T.reticulatum Boiss & Huet	۱۴	۷
T.pusillus M.B	۱۴	۷
*T.vaginatum.*Ownbey & Rech	۱۲	۶
T.choloratus C.A.Meyer	۱۲	۶
T. montanum S.Niktin	۲۴	۶
T.graminifolium D.C.	۱۲	۶
T.buphthalmoides D.C.Boiss	۱۲	۶

جدول۳- خصوصیات کروموزومی گونه‌های شنگ(*Tragopogon* L.)

گونه	زادگاه	فرم رویشی	سطح پلوئیدی	اندیس نامتقارن بودن درون کروموزومی	اختلاف دامنه طول نسبی کروموزوم ها	درصد شکل کلی کروموزوم
T.rezaiyensis Rech F.	مرند	همی کریپتوفیت	تتراپلوئید	۰/۵۵	۱۲/۰۳	۳۲/۴۶
T.reticulatum Boiss & Huet	جاده تبریز	همی کریپتوفیت	دیپلوئید	۰/۵۱	۱۳/۶۴	۳۳/۲۶
T.pusillus M.B	تبریز	ژئوفیت	دیپلوئید	۰/۴۷	۱۴/۷۴	۳۳/۰۴
*T.vaginatum.*Ownbey & Rech	عجب شیر	همی کریپتوفیت	دیپلوئید	۰/۵۲	۱۹/۴۰	۲۸/۹۸
T.choloratus C.A.Meyer	پیام	همی کریپتوفیت	دیپلوئید	۰/۴۵	۱۵/۰۶	۳۵/۳۶
T. montanum S.Niktin	مراغه	همی کریپتوفیت	تتراپلوئید	۰/۴۲	۴۹/۱۰	۳۶/۲۷
T.graminifolium D.C.	جاده مرند	همی کریپتوفیت	دیپلوئید	۰/۴۶	۱۵/۵۱	۳۴/۲۹
T.buphthalmoides D.C.Boiss	تبریز	همی کریپتوفیت	دیپلوئید	۰/۵۴	۲۲/۲۶	۳۸/۳۵

جدول۴- ادامه خصوصیات کروموزومی گونه‌های شنگ (*Tragopogon* L)

گونه	طول نسبی بازوی بلند کروموزوم	طول نسبی بازوی کوتاه کروموزوم	شاخص سانترومری	نسبت طول بازوها	طول کل کروموزوم	طول بازوی کوتاه	طول بازوی بلند	میزان کروماتین نسبی
T.rezaiyensis Rech F.	۱۳۲/۳۴	۵۸/۶۶	۰/۳۱	۱/۹۰	۱/۹۱	۰/۵۹	۱/۳۲	/۳۲
T.reticulatum Boiss & Huet	۱۲۷/۸۰	۶۱/۱۸	۰/۲۶	۰/۲۶	۱/۸۹	۰/۶۱	۱/۲۷	/۲۷
T.pusillus M.B	۹۹/۴۱	۴۹/۰۵	۰/۳۳	۲/۰۳	۱/۴۸	۰/۴۹	۰/۹۹	/۲۱
T.vaginatum.Ownbey & Rech	۹۷/۹۱	۴۴/۱۷	۰/۳۵	۲/۲۲	۱/۴۲	۰/۴۴	۰/۹۸	/۲۴
T.choloratus C.A.Meyer	۱۰۲/۹۵	۵۴/۳۲	۰/۳۶	۱/۸۹	۱/۵۷	۰/۵۴	۱/۰۳	/۲۷
T. montanum S.Niktin	۷۸/۲۲	۴۰/۹۵	۰/۳۰	۱/۹۱	۱/۱۹	۰/۴۱	۰/۷۸	/۲
T.graminifolium D.C.	۷۱/۸۵	۳۷/۴۱	۳۷/۴۱	۱/۹۲	۱/۰۹	۰/۳۷	۰/۷۲	/۱۸
T.buphthalmoides D.C.Boiss	۳۲/۴۰	۱۹/۰۸	۰/۲۴	۱/۷۰	۰/۵۱	۰/۱۹	۰/۳۲	/۰۹

Archive of SID

www.SID.ir

از لحاظ درصد شکل کلی کاریوتیپ (TF%) برای بیان وضعیت تقارن کاریوتیپ است و هنگامی که مقدار از ۵۰٪ کمتر است نشان دهنده کروموزوم‌هایی با سانترومرهای انتهایی و کاریوتیپ نامتقارن است، به‌طوری که در جدول ۸ نیز مشخص شده در هر چهار گروه درصدTF کمتر از ۵۰٪ است.

DRL اختلاف دامنه‌ی طول نسبی کروموزوم هایست و این پارامتر نیز برای مقایسه تقارن کاریوتیپ بکار می‌رود. آن دسته از گونه‌ها که DRL در آنها کمتر است، تقارن بیشتری دارند، به‌طوری‌که گروه اول شامل گونه‌هایی است که تقارن بیشتری دارند و بعکس گروه سوم شامل گونه‌هایی است که تقارن کمتری دارند.

A_1 اندیس نامتقارن بودن درون کروموزومی است، اگر $A_1 = 0$ همه کروموزوم‌ها متاسانتریک می‌باشند و هر چقدر به یک نزدیک شود کروموزوم‌ها به طرف تلوسانتریک پیش می‌روند و A_1 به تعداد و اندازه کروموزوم بستگی ندارد، یعنی در همه گروه‌ها کروموزوم‌ها از وضعیت متاسانتریک دور شده ولی به تلوسانتریک نرسیده‌اند.

گروه‌بندی گونه‌ها براساس ویژگیهای کاریوتیپی و با استفاده از روش تجزیه خوشه‌ای گونه‌های مورد مطالعه را در چهار گروه جداگانه قرار داد (شکل۱). گونه‌هایی که در یک گروه قرار می‌گیرند از لحاظ ویژگیهای کاریوتیپی قرابت بیشتری نسبت به هم دارند. در حالی‌که گونه‌هایی که متعلق به سایر گروه‌ها هستند از لحاظ کاریوتیپ متفاوت هستند. بنابراین احتمال تلاقی بین گونه‌ای در مورد گونه‌های متعلق به یک گروه محتمل‌تر از گونه‌هایی است که به گروه‌های متفاوت تعلق دارند، زیرا گونه‌های نزدیک ناسازگاری‌های کروموزومی کمتری نشان می‌دهند.

به منظور تأیید گروه‌بندی گونه‌ها از روش K-means استفاده گردید. در این بررسی ویژگیهای کاریوتیپ با استفاده از آزمون F جدول تجزیه واریانس بین گروه و داخل گروه (جدول ۷) مورد آزمون قرار گرفت و زمانی که گونه‌ها در چهار گروه قرار گرفتند از ۱۰ ویژگی مورد مطالعه ۸ ویژگی معنی‌دار گردید و با توجه به آن دندروگرام در فاصله توان دوم اقلیدسی، قطع گردید (شکل ۲).

نتیجه‌گیری کلی: در گونه‌های مورد مطالعه از بین ویژگیهای کاریوتیپ می‌توان مهمترین ویژگی را نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه معرفی کرد، چرا که گونه‌ها از لحاظ کاریوتیپ در ۲ گروه متکامل و غیر متکامل قرار می‌دهد و سایر ویژگیهای مورد مطالعه در مورد گونه‌های شنگ چندان مؤثر نیستند بنابراین بررسی تیپ کروموزوم‌ها با استفاده از نسبت بازوها (روش لوان و ساندبرگ) می‌تواند در گروه‌بندی گونه‌های شنگ از لحاظ کاریوتیپ مؤثر باشد.

جدول ۵- ریشه‌های راکد، درصد واریانس و واریانس تجمعی برای ویژگی‌های کاریوتیپ در گونه‌های شنگ (*Tragopogon* L.).

مولفه‌ها	درصد واریانس	درصد تجمعی
۱	۶۵/۹۵	۶۵/۹۵
۲	۱۷/۱۳	۸۳/۰۸
۳	۸/۷۱	۹۱/۷۹
۴	۴/۳۵	۹۶/۱۵
۵	۳/۵۴	۹۹/۶۹

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۶- مقادیر بردارهای راکد برای ویژگیهای کاریوتیپ در دو مؤلفه اصلی اول در گونه‌های شنگ(*Tragopogon* L.)

ویژگیهای کاریوتیپی	مؤلفه ۲	مؤلفه ۱
VRC	-۰/۰۴	۰/۹۷
L	-۰/۰۸	۰/۹۹
S	-۰/۱۲	۰/۹۸
Tot.	- ۰/۰۹	۰/۹۹
A-ratio	۰/۸۶	-۰/۱۸
CI	۰/۸۵	۰/۲۸
PS	-۰/۱۲	۰/۹۸
PL	- ۰/۰۸	۰/۹۹
TF%	-۰/۴۳	-۰/۶۸
DRL	-۰/۱۳	-۰/۴۶

VRC= میزان کروماتین نسبی، L= طول بازوی بلند، S= طول بازوی کوتاه، Tot= طول کل کروموزوم، A-ratio= نسبت بازوها، CI= شاخص سانترومری، PS= درصد طول بازوی کوتاه، PL= درصد طول بازوی بلند، TF%= درصد شکل کلی کروموزوم، DRL= دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها.

جدول۷ – تجزیه واریانس بین گروه‌ها (چهار گروه موجود در تجزیه کلاستر) و آزمون معنی‌دار بودن ویژگیهای کاریوتیپ به منظور قطع دندروگرام (در این بررسی ۸ گونه براساس میانگین ویژگیهای کاریوتیپ مورد تجزیه کلاستر قرار گرفتند).

ویژگیهای کاریوتیپی	Sig.	F	اشتباه		گروه	
			درجه آزادی	میانگین مربعات	درجه آزادی	میانگین مربعات
VRC	۰/۰۳	۸/۳۷	۴	۱/۱۷×۱۰-۳	۳	۹/۸×۱۰-۳
L	۰/۰۱	۱۴/۲۱	۴	۱/۵۶×۱۰-۲	۳	۰/۲۲
S	۰/۰۳	۹/۵۶	۴	۳/۹۶×۱۰-۳	۳	۳/۷۳×۱۰-۲
Tot	۰/۰۱	۱۳/۴۰	۴	۳/۳۰×۱۰-۲	۳	۰/۴۴
A-ratio	۰/۷۰	۰/۵۱	۴	۰/۵۱	۳	۰/۲۶
CI	۰/۰۴	۷/۳۸	۴	۶/۴۸×۱۰-۴	۳	۴/۷۸×۱۰-۳
PS	۰/۰۲	۹/۵۵	۴	۳۹/۶۷	۳	۳۷۸/۹۶
PL	۰/۰۱	۱۴/۲۴	۴	۱۵۵/۴۷	۳	۲۲۱۳/۲۱
TF%	۰/۲۹	۱/۷۶	۴	۵/۹۲	۳	۱۰/۴۲
DRL	۰/۰	۸۷/۲۹	۴	۳/۸۹	۳	۳۳۷/۵۶

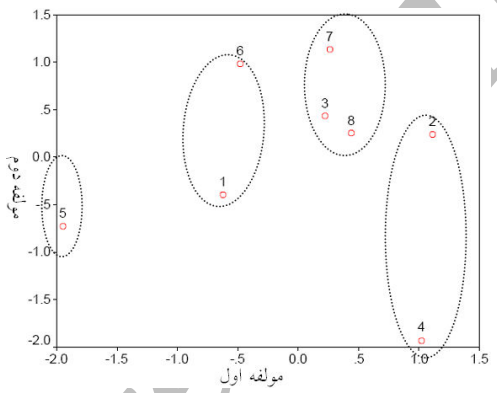
VRC= میزان کروماتین نسبی، L= طول بازوی بلند، S= طول بازوی کوتاه، Tot= طول کل کروموزوم، A-ratio= نسبت بازوها، CI= شاخص سانترومری، PS= درصد طول بازوی کوتاه، PL= درصد طول بازوی بلند، TF%= درصد شکل کلی کروموزوم، DRL= دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها.

Archive of SID

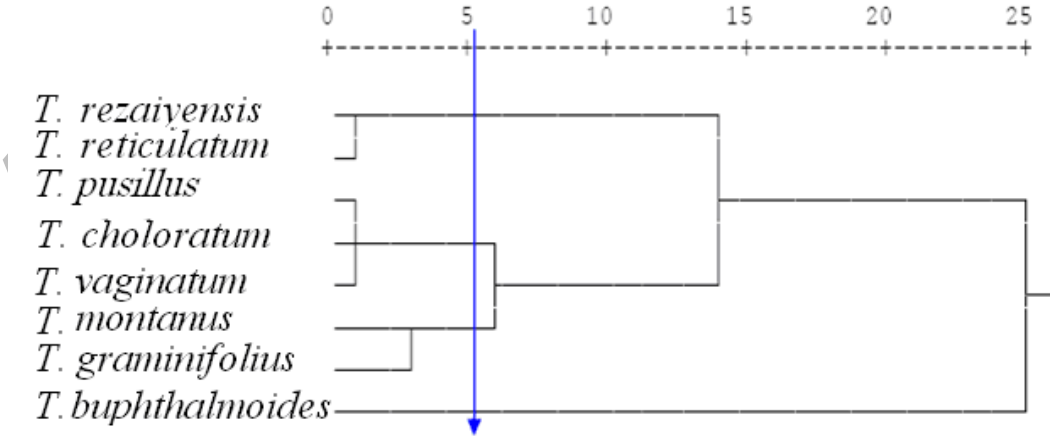
www.SID.ir

جدول ۸ – میانگین ویژگی‌های کاریوتیپ برای گروه‌های بوجود آمده

گروه	درصد شکل کلی کاریوتیپ	طول نسبی کروموزوم‌ها	اختلاف دامنه‌ی کروموزومی	بودن درون	اندیس نامتقارن	درصد طول بازوی بلند	درصد طول بازوی کوتاه	سانترومری	شاخص بازوها	نسبت طول کروموزوم	طول کل کوتاه	طول بازوی بلند	طول بازوی نسبی	میزان کروماتین
۱	۳۲/۸۸	۱۲/۸۳		۰/۵۳		۱۳۰/۰۷	۵۹/۹۲	۰/۲۹	۱/۰۹	۱/۹۰	۰/۶۰	۱/۳۰		۰/۲۹
۲	۳۲/۴۶	۱۶/۴۰		۰/۴۸		۱۰۰/۰۹	۴۹/۱۸	۰/۳۵	۲/۰۵	۱/۴۹	۰/۴۹	۱/۰۰		۰/۲۴
۳	۳۵/۲۸	۳۲/۳۱		۰/۴۴		۷۵/۰۳	۳۹/۱۸	۰/۳۴	۱/۹۱	۱/۱۴	۰/۳۹	۰/۷۵		۰/۱۹
۴	۳۸/۳۵	۲۲/۲۶		۰/۵۴		۳۲/۴۰	۱۹/۰۸	.۰/۲۴	۱/۷۰	۰/۵۱	۰/۱۹	۰/۳۲		۰/۰۸



شکل۱– دسته‌بندی گونه‌ها با استفاده از دو مولفه اول و دوم حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی بر مبنای ویژگی‌های کاریوتیپی گونه‌های مورد مطالعه.



شکل۲– دندروگرام حاصل از روش Ward و فاصله توان دوم اقلیدسی براساس ویزگیهای کاریوتیپ مورد مطالعه برای ۸ گونه شنگ.

www.SID.ir

منابع مورد استفاده

- Azad, A., Mirzaie-Nodoushan, H., and Shariat, A. 2005. Investigation of karyotypic correlations for estimating genetic relationship between several populations of *Stipagrostis pennata*. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetics Research, 13:361-371.
- Bonnier, G. 1964. Flore Complete illustree en Couleurs de France Swiss et Belgique vol.5,6,7.
- Davis, P.H.D. 1984. Flora of turkey and the East Aegean Islands. Edinburgh, University Press.
- Ghaffari, S. M. 1999. Chromosome studies in the Iranian Asteraceae II. Iranian Journal of Botany 8: 91 - 104.
- Mavrodiev, E. V., Albach, D. C., Spernaza , P., 2008. A new polyploid species of the genus *Tragopogon* (Asteraceae, Cichoreae) from Russia. Novon Journal for Botanical Nomenclature, 18:229-232.
- Mavrodiev, E. V., Tancig, M., Sherwood, A. M., Gitzendanner, M. A., Rocca, J., Soltis, P. S. and Soltis D. E., 2005. Phylogeny of *Tragopogon* L. (Asteraceae) based on internal and external transcribed spacer sequence data. International Journal of Plant Sciences, 166: 117-133.
- Mirzaie-Nodoushan, H. and Shariat, A. 2002. Karyotypic variation within *Bromus* species. Iranian Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 11: 79-87.
- Mirzaie-Nodoushan, H., Maddah-Arefi, H., Asadi-Corom, F., and Shariat, A. 2005. Variation in ploidy level an obstacle in inter-specific hybridization in *Bromus* species. Iranian Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 13: 177-188.
- Moghimifam. R., 2002. Floristic and biosystematic study in several species of Asteraceae in East Azarbaijan, M.Sc. thesis. University of Tabriz. Iran.
- Nazarova, E. A., 1991. Karyotypical evolution in genus *Tragopogon* L. (Lactuceae, Asteraceae). In A. L. Takhtajan [ed.], Flora, Vegetation and Vegetable Resources of Armenia. 13. Academy of Science of Armenia, 116-134.
- Ownbey, M., 1950 Natural hybridization and amphiploidy in the genus *Tragopogon*. Am. J. Bot., 37: 487–499.
- Rechinger, K.H. 1977. Flora–Des Iranischen Hochlandes,vols.122,Graz-Austria .
- Stebeans, L. R., 1989. Chromosome Evolution in Higher Plants. Translated by A.A. Masoomi, Forests and Rangelands Research Institute, Tehran, Iran.
- Soltis, D. E., Soltis P., Pires, J., Kovarik, A., Tate J., and Mavrodiev, E., 2004. Recent and recurrent polyploidy in *Tragopogon* (Asteraceae): genetics, genomic, and cytogenetic comparisons. Biological Journal of Linnaean Society, 82: 485 - 501.

Archive of SID

www.SID.ir

Investigation of inter-specific relationship on eight species of *Tragopogon* based on karyotypic characteristics

R. Moghimifam[*1] , M. Manafi[2] and A.Razban-Haghighi[3],

1* - Corresponding author, M.Sc., East Azarbayjan Agriculture and Natural Research Center, Tabriz, I.R.Iran.
E-Mail: roya_moghimifam@yahoo.com
2 - Assoc. Prof., Tabriz University, Tabriz, I.R.Iran.
3 – M.Sc. East Azarbayjan Agriculture and Natural Research Center, Tabriz, I.R.Iran.

Received: 12.02.2009 Accepted: 09.06.2009

Abstract

Eight species of *Tragopogon* L. from East Azarbaijan province were studied as follows: *T. montanus*، *T. pusillus*، *T. graminifolius*، *T. vaginatum*، *T. choloratum*، *T. reticulatum*، *T. rezaiyensis* and *T. buphthalmoides*. Five methaphasic cells were studied for each of the species. Base chromosome numbers of the genera were 6 and 7. Principal components analysis based on all of the characters revealed that according to the first and second components the role of characters such as Long arm length, total chromosome length and percentage of long arm length (L%) were important in *Tragopogon* species classification. Cluster analysis was used for determining similarity between the species. Based on the cluster analysis the species were divided into 4 groups. Averages of arm ratio of the groups were 1.09, 2.05, 1.91 and 1.7 micron, respectively. The species in the first group were characterized with metacentric chromosomes. The species in the rest of the groups were characterized with sub metacentric chromosomes. The species in the second, third and forth groups (*T. vaginatum* ،*T. pusillus T. choloratum*، *T. buphthalmoides*، *T. graminifolius* and *T. montanus*) are evolutionary more advanced than species in the first group (*T. reticulatum* ،*T. rezaiyensis*).

Keywords: *Tragopogon,* Karyotype, Karyotypic Relationship, Multivariate analysis,

Archive of SID

www.SID.ir