Archive of SID

دو فصلنامه علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۲۴، شماره ۱، صفحه ۱۵۵-۱۴۲ (۱۳۹۵)

بررسی تنوع ژنتیکی اکسشن‌هایی از رازیانه (*Foeniculum vulgare*) با استفاده از شاخص‌های کاریوتیپی

نازنین مرادزاده[۱]، محسن فرشادفر[۲*]، عزت‌اله فرشادفر[۳] و هومن شیروانی[۴]

۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه بیوتکنولوژی دانشکده کشاورزی دانشگاه رازی، کرمانشاه

۲*- نویسنده مسئول مکاتبات، دانشیار، گروه کشاورزی دانشگاه پیام نور

پست الکترونیک: farshadfarmohsen@yahoo.com

۳- استاد، گروه اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه رازی، کرمانشاه

۴- کارشناس ارشد گروه کشاورزی دانشگاه پیام نور

تاریخ دریافت: ۱۳۹۴/۰۳/۱۱ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۴/۰۵/۳۱

چکیده

این تحقیق به‌منظور بررسی تنوع سیتوژنتیکی ۱۶ اکسشن از گونه دارویی رازیانه (*Foeniculum vulgare*) در قالب طرح کاملاً تصادفی با ۵ تکرار انجام شد. مطالعات کاریوتیپی نشان داد که تمامی اکسشن‌ها دیپلوییید (2n=2x=22) بودند. از نظر فرم کروموزمی درون اکسشن‌ها تنوع مشاهده شد. در اکسشن‌های ۱۴۷۲۶ (مرکزی)، ۱۸۶۱۵ (اردبیل) و ۲۹۶۶۷ (قزوین)، ۲ ماهواره و در بقیه اکسشن‌ها یک ماهواره مشاهده شد. طبق جدول دوطرفه Stebbins همه اکسشن‌های مورد بررسی به‌غیر از اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) در کلاس 1A، قرار گرفتند و اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) در کلاس 2A قرار داشت. اکسشن ۲۴۴۸۲ (هرمزگان) نسبت به سایر اکسشن‌ها دارای شاخص عدم تقارن درون کروموزومی کمتری بود. بنابراین از نظر تکامل کاریوتیپی اکسشن ۲۴۴۸۲ (هرمزگان) در درجه پائین‌تری از تکامل نسبت به سایر اکسشن‌ها قرار داشت و در اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) کروموزوم‌های نامتقارن‌تری نسبت به بقیهٔ اکسشن‌ها دیده شد و از نظر تکاملی در درجهٔ بالاتری قرار گرفت. نتایج تجزیه واریانس تنوع معنی‌داری را در بین اکسشن‌ها برای تمامی صفات کاریوتیپی نشان داد. با توجه به آزمون چند دامنه‌ای دانکن اکسشن‌ها برای صفات مورد بررسی در دسته‌های متفاوتی قرار گرفتند. نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو مؤلفه اول به‌ترتیب ۶۱/۰۵ و ۳۷/۰۵ درصد از کل واریانس بین اکسشن‌ها را شامل می‌شوند. در مجموع ۹۹ درصد از تنوع موجود بین اکسشن‌های مورد مطالعه با دو مؤلفه اول بیان شد. در پایان اکسشن‌های مورد بررسی با استفاده از تجزیه خوشه‌ای گروه‌بندی شدند و اکسشن‌ها در ۴ گروه قرار گرفتند.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، رازیانه، سیتوژنتیک، کاریوتیپ.

مقدمه

گیاهان دارویی امروزه نقش کلیدی در زندگی انسان‌ها پیدا کرده‌اند. محاسبه‌ی دقیق مقدار مصرف سالیانه‌ی گیاهان دارویی در جهان مشکل است، زیرا گیاهان دارویی به شکل‌های ناشناخته‌ی متفاوتی استفاده می‌شوند (به شکل تازه، خشک، دم‌کرده یا استفاده شده در صنایع داروسازی) و اطّلاعات محلّی جامعی نیز در این مورد وجود ندارد (Bernath, 2000). اگرچه کاشت گیاهان

www.SID.ir

Archive of SID

دارویی به هزاران سال پیش باز می‌گردد ولی در مورد اصلاح آن‌ها تاکنون پیشرفت قابل ملاحظه‌ای صورت نگرفته است و در حال حاضر، تعداد کولتیوارهای اصلاح شده گیاهان دارویی اندک است. هدف از اصلاح گیاهان دارویی، افزایش کمیت و کیفیت آن دسته از مواد مؤثره در این گیاهان است که در صنایع دارویی از اهمیت خاصی برخوردار هستند. در سال‌های اخیر توجه خاصی از جانب سازمان‌های مختلف در کشورهای جهان در ارتباط با اصلاح این گیاهان صورت گرفته است (Omidi & Farzin, 2009). رازیانه به‌عنوان گیاه دارویی مورد استفاده در طب سنتی و نیز گیاه دارویی موثر در فارماکوپه‌های معتبر جهان به ثبت رسیده است. این گیاه در صنایع دارویی، غذایی و عطرسازی کاربرد فراوان دارد و دارای خواص آنتی‌اکسیدانی و ضد باکتریایی قوی است (Izadi & Bahmani, 2011). میوه و اسانس رازیانه به‌دلیل داشتن آنتول موجب کاهش یا توقف اسپاسم‌های دستگاه گوارش و تشدید ترشح شیرابه‌های گوارشی و در نتیجه بالا رفتن کیفیت هضم می‌گردد (Yazdani, *et al.*, 2004). کاربرد زیاد و مصارف فراوان و به‌دنبال آن ارزش اقتصادی بالای رازیانه، لزوم شناسایی و برنامه‌های حفاظت گونه‌ای آن را بیشتر محرز می‌کند (Izadi & Bahmani, 2011). از آنجایی که اصلاح گیاهان بر پایه ایجاد تنوع با گزینش انواع مطلوب تا رسیدن به هدف نهایی استوار است داشتن تنوع و دامنه وسیعی از ذخایر توارثی در اصلاح نباتات ضروری است (Ehdaei, 1994). تنوع ژنتیکی مبنای همه گزینش‌ها در اصلاح نباتات است با بالا رفتن تنوع ژنتیکی در یک جامعه دامنه انتخاب وسیع‌تر می‌شود (Abdemishani & Shanejat, 2008). مطالعه تنوع ژنتیکی بر اساس نشانگرهای ریخت‌شناسی، شیمیایی، بیوشیمیایی، مولکولی و سیتوژنتیکی انجام می‌گیرد (Michaud *et al.*, 1990; Gupta, 1995). وضعیت کروموزومی کاربرد وسیعی در طبقه‌بندی گیاهان و کمک به حل مسائل و مشکلات آن دارد، کروموزم‌ها تنها عوامل مناسبی می‌باشد که به‌کمک آن‌ها می‌توان به‌نحوه تکامل موجودات زنده پی‌برد (Mirzaie Nodoushan *et al.*, 2002). به‌کمک اطلاعات کروموزومی می‌توان گونه‌ها و جمعیتی را مورد مقایسه قرار داد. جمعیت‌های متعلق به یک گونه با محیطی که در آن رشد پیدا می‌کنند سازش ژنومی از خود نشان می‌دهند. با افزایش این اختلاف سازشی ممکن است که واریته‌های جدید و حتی گونه‌های جدیدی در جوامع به‌وجود آیند (Estilai & Hashemi, 1990). از طرفی اختلاف‌های موجود میان گونه‌های مختلف انعکاسی مستقیم از محتوای ژنتیکی آنهاست. اصطلاح کاریوتیپ را به‌صورت مجموعه‌ای از خصوصیات که مشخص‌کننده یک دسته کروموزوم اصلی است تعریف می‌کنند که در آن کروموزوم‌های پایه هاپلوئیدی یک موجود زنده بر اساس اندازه‌شان از بزرگتر به کوچکتر و از سمت چپ به راست مرتب می‌شوند. وجود تفاوت‌ها و شباهت‌های کاریوتیپی گروه‌های مختلف را به روابط تکاملی آنها نسبت می‌دهند (Mirzaie Nodoushan *et al.*, 2002). با بررسی ۱۱ جمعیت از رازیانه Safaei و همکاران (۲۰۰۷، ۲۰۰۸) پایه کروموزومی این گیاه را X=۱۱ و سطح پلوئیدی آن را ۲n=۲x=۲۲ اعلام کردند و نتیجه‌گیری کردند که کروموزوم‌های آن به سه حالت متاسانتریک، ساب‌متاسانتریک و گاهی ساب‌تلوسانتریک نیز دیده شده است. یکی از دلایل عمده محدودیت توسعه سطح زیر کشت رازیانه در ایران، کمبود تحقیقات به‌زراعی و به‌نژادی، می‌باشد. لذا تحقیق حاضر با هدف بررسی تنوع ژنتیکی در سطح صفات کاریوتیپی در اکسشن‌های مختلف رازیانه انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی تنوع کاریوتیپی تعداد ۱۶ اکسشن رازیانه (*Foeniculum vulgare*) از بانک ژن موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور تهیه شد. مشخصات مواد ژنتیکی مورد مطالعه، با ذکر کد اکسشن و محل دریافت یا جمع‌آوری در جدول ۱ نشان داده شده است. نمونه‌ها در

www.SID.ir

Archive of SID

آزمایشگاه بیوتکنولوژی دانشگاه پیام نور استان کرمانشاه از نظر صفات کاریوتیپی مورد بررسی قرار گرفتند. در ابتدا بذور با محلول هیپوکلریت سدیم ۱۰ درصد ضدعفونی شده، کشت و تحت شرایط کنترل شده، رطوبت ۷۰ درصد، دمای ۲۰ درجه سانتی‌گراد و ۱۲ ساعت نور ۱۲ ساعت تاریکی در ژرمیناتور قرار گرفتند. پس از رشد، ریشه‌های با طول ۱-۰/۵ سانتی‌متر برای نمونه‌گیری انتخاب شدند. با توجه به شرایط کنترل‌شده فوق، مریستم ریشه‌های رازیانه‌ها، در فواصل زمانی ۱۰-۹ صبح دارای بیشترین تعداد سلول‌های متافازی بودند. به‌منظور عمل پیش‌تیمار، ریشه‌ها در محلول آلفا برومونفتالین ۲ درصد به‌مدت ۳ ساعت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. پس از این مرحله ریشه‌ها برای عمل تثبیت مدت ۱۸ ساعت در محلول لویتسکی (محلول A: ۱ گرم کرومیوم تری اکسید و ۱۰۰ میلی‌لیتر آب مقطر و محلول B: ۲۵ میلی‌لیتر فرمالدئید ۳۶ درصد و ۷۵ میلی‌لیتر آب مقطر) قرار گرفتند. بعد از تثبیت نمونه‌ها به‌مدت ۳ ساعت در آب جاری شستشو شدند. برای نگهداری طولانی، ریشه‌ها پس از خروج از محلول تثبیت و بعد از شستشو بلافاصله در الکل اتیلیک ۷۰ درصد در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد در یخچال نگهداری شدند. مهمترین مرحله در بررسی‌های سیتوژنتیکی، اسکواش (Squash) (له و نرم‌کردن بافت مورد مطالعه) در حد مطلوب بود تا اولاً سلول‌ها به‌طور کامل از یکدیگر جدا شوند و در یک سطح قرار گیرند و ثانیاً عمل رنگ‌آمیزی به بهترین نحو ممکن صورت پذیرد. به این منظور پس از خارج‌کردن ریشه‌ها از محلول الکل اتیلیک ۷۰ درصد و شستشوی آنها با آب، نمونه‌ها در ماده هیدرولیزکننده (NaOH ۱ نرمال) در درجه حرارت ۶۲ درجه سانتی‌گراد، به مدت ۸ دقیقه قرار داده شدند. بعد از هیدرولیز، نمونه‌ها در محلول رنگ هماتوکسیلین (۴ گرم هماتوکسیلین در ۱۰۰ میلی‌لیتر اسید استیک ۴۵درصد) به‌مدت ۳ ساعت قرار گرفتند. پس از قرار دادن نمونه‌ها روی لام، قسمت انتهایی نوک ریشه (منطقه مریستمی) با استفاده از تیغ مخصوص برش داده شد و یک قطره محلول اسید استیک ۴۵ درصد روی نمونه ریخته و لامل روی آن گذاشته شد، با وارد کردن ضربات آهسته بر روی نمونه سلول‌های ریشه پخش شدند. به‌منظور عکس‌برداری از سلول‌های متافازی اکسشن‌های مورد مطالعه از سیستم مانیتورینگ استفاده شد. تصاویر کروموزومی از طریق دوربین نصب شده بر روی میکروسکوپ نوری ذخیره شدند. کروموزوم‌های ۵ سلول متافازی عکس برداری شده از هر اکسشن در نرم‌افزار Photoshop برش زده و در یک فایل جداگانه، مرتب شدند. با استفاده از نرم افزار MicroMeasure و از طریق مشخص کردن ابتدا و انتهای کروموزوم و محل سانترومر آنها، یکسری از ویژگی‌های کروموزومی نظیر طول بازوی کوتاه و بلند، طول کل کروموزوم، طول نسبی کروموزوم و شاخص سانترومری محاسبه و در محیط Excel ذخیره شدند. در پایان تجزیه‌های آماری توسط نرم‌افزار MSTATC و SPSS صورت گرفت. لازم به‌ذکر است که بزرگنمائی تصاویر حاصل از لنز X100 و با استفاده از CCD موجود در سیستم مانیتورینگ تقریباً ۲۰۳۷ برابر بود. برای تعیین اهمیت هر یک از صفات کاریوتیپی مورد مطالعه در تنوع بین اکسشن‌ها، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام شد. با توجه به اینکه صفات TL، LA، SA، CI و AR (جدول ۴) براساس تجزیه واریانس در تنوع درون گونه‌های مورد مطالعه نقش داشتند، با استفاده از این صفات برای اکسشن‌ها، به‌روش Ward تجزیه خوشه‌ای انجام شد.

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۱- فهرست ۱۶ اکسشن از رازیانه دریافت شده از بانک ژن منابع طبیعی

شماره	منطقه	کد بانک ژن	شماره	منطقه	کد بانک ژن
۱	مازندران	۱۳۶۶۲	۹	تهران	۱۸۸۷۰
۲	کرمانشاه	۱۴۵۸۴	۱۰	سیستان و بلوچستان	۲۲۰۸۴
۳	لرستان	۱۴۶۵۰	۱۱	هرمزگان	۲۴۴۸۲
۴	مرکزی	۱۴۷۲۶	۱۲	بانک ژن	۲۵۱۹۷
۵	یزد	۱۵۵۱۳	۱۳	هرمزگان	۲۶۸۶۰
۶	اردبیل	۱۸۶۱۵	۱۴	هرمزگان	۲۶۸۶۶
۷	اردبیل	۱۸۶۱۸	۱۵	قزوین	۲۹۶۶۷
۸	تهران	۱۸۸۶۹	۱۶	بانک ژن	۳۰۴۰۶

نتایج

مقایسه کاریوتیپ

شکل ۱ تصاویر سلول‌های متافازی و کاریوگرام اکسشن‌های مورد مطالعه را نشان می‌دهد، که برای هر کاریوتیپ سطح پلوئیدی، تعداد کل کروموزوم، تعداد کروموزوم پایه (X)، تعداد ماهواره، کروموزوم ماهواره‌دار به‌همراه فرمول کاریوتیپی تعیین شد و نتایج حاصل در جدول ۲ نشان داده شده است. طبق این جدول گونه *Foeniculum vulgare* دیپلوئید بود. تعداد کروموزوم پایه در تمامی اکسشن‌های مورد مطالعه ۱۱ بود، که از نظر تعداد کروموزوم پایه تنوع بین اکسشن‌ها مشاهده نشد. همچنین در بین اکسشن‌های مورد بررسی از نظر صفات کاریوتیپی تنوع معنی‌دار مشاهده شد. فرمول کاریوتیپی در اکسشن‌های ۱۴۵۸۴ (کرمانشاه)، ۱۴۶۵۰ (لرستان)، ۱۴۷۲۶ (مرکزی)، ۱۵۵۱۳ (یزد)، ۱۸۶۱۸ (اردبیل)، ۱۸۸۶۹ (تهران)، ۲۲۰۸۴ (سیستان و بلوچستان)، ۲۴۴۸۲ (هرمزگان)، ۲۵۱۹۷ (بانک ژن)، ۲۶۸۶۰ (هرمزگان)، ۲۶۸۶۶ (هرمزگان)، ۳۰۴۰۶ (بانک ژن)، به‌صورت 11m بود. فرمول کاریوتیپی در اکسشن‌های ۱۳۶۶۲ (مازندران)، ۱۸۸۷۰ (تهران) و ۲۹۶۶۷ (قزوین) به‌صورت 10m+1sm بود، برای اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل)، فرمول کاریوتیپی به‌صورت 9m+2sm می‌باشد. بنابراین فرم کروموزمی اکسشن‌های مورد بررسی متفاوت بود، و از نظر فرم کروموزمی تنوع در درون اکسشن‌ها نیز مشاهده شد. در اکسشن‌های ۱۴۷۲۶ (مرکزی)، ۱۸۶۱۵ (اردبیل) و ۲۹۶۶۷ (قزوین)، دو ماهواره دیده شد. در اکسشن‌های ۱۴۵۸۴ (کرمانشاه)، ۱۴۶۵۰ (لرستان)، ۱۵۵۱۳ (یزد)، ۱۸۶۱۸ (اردبیل)، ۲۶۸۶۰ (هرمزگان)، ۲۶۸۶۶ (هرمزگان) و ۳۰۴۰۶ (بانک ژن)، یک ماهواره مشاهده شد و در اکسشن‌های ۱۳۶۶۲ (مازندران)، ۱۸۸۶۹ (تهران)، ۱۸۸۷۰ (تهران)، ۲۲۰۸۴ (سیستان و بلوچستان)، ۲۴۴۸۲ (هرمزگان) و ۲۵۱۹۷ (بانک ژن)، ماهواره مشاهده نشد. براساس جدول دوطرفه Stebbins اکسشن‌های مورد مطالعه در کلاس‌های تقارن مربوطه قرار گرفتند، نتایج حاصل در جدول ۳ درج شد. طبق این جدول همه اکسشن‌های مورد بررسی به‌غیر از اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) در کلاس 1A، قرار گرفتند و اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) در کلاس 2A قرار داشت. به‌منظور تعیین تقارن کاریوتیپی و بررسی وضعیت تکاملی اکسشن‌های مورد مطالعه، پارامترهایی نظیر شاخص نامتقارن بودن درون‌کروموزومی (A1)، شاخص نامتقارن بودن بین‌کروموزومی (A2)، اختلاف دامنه طول نسبی بزرگترین کروموزوم از کوچکترین کروموزوم (DRL)، درصد شکل کلی (%TF) محاسبه شد. اکسشن ۲۴۴۸۲ (هرمزگان) نسبت به سایر اکسشن‌ها شاخص عدم تقارن درون‌کروموزومی کمتری داشت. بنابراین از نظر تکامل کاریوتیپی اکسشن ۲۴۴۸۲ (هرمزگان) در درجه پایین‌تری از تکامل با توجه به جدول دو طرفهٔ Stebbins و پارامترهای A1

www.SID.ir

Archive of SID

و TF% نسبت به سایر اکسشن‌ها قرار دارد. اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) کروموزوم‌های نامتقارن‌تری نسبت به بقیهٔ اکسشن‌ها داشت و از نظر تکاملی با توجه با این پارامترها در درجهٔ بالاتری قرار گرفت. با توجه به شاخص نامتقارن بودن بین‌کروموزوم (A2)، در اکسشن۲۶۸۶۰ (هرمزگان)، بیشترین عدم تقارن بین‌کروموزمی مشاهده شد، و در اکسشن ۲۹۶۶۷ (قزوین) کمترین عدم تقارن بین کروموزمی به‌دست آمد. بیشترین مقدار اختلاف طول نسبی بزرگترین کروموزوم و کوچکترین کروموزوم برای اکسشن ۲۶۸۶۶ (هرمزگان)، (۶/۰۹میکرون) و کمترین مقدار برای اکسشن ۱۳۶۶۲ (مازندران)، (۳/۸۹ میکرون) محاسبه شد. با توجه به ارزش نسبی کروماتین بیشترین میزان کروماتین به اکسشن ۱۳۶۶۲ (مازندران)، (۴/۹۷ میکرون) و کمترین مقدار آن به اکسشن ۳۰۴۰۶ (بانک ژن)، (۲/۷۰ میکرون) اختصاص یافت.

جدول ۲- خصوصیات کاریوتیپی اکسشن‌های دیپلوئید (2n=22) مورد بررسی

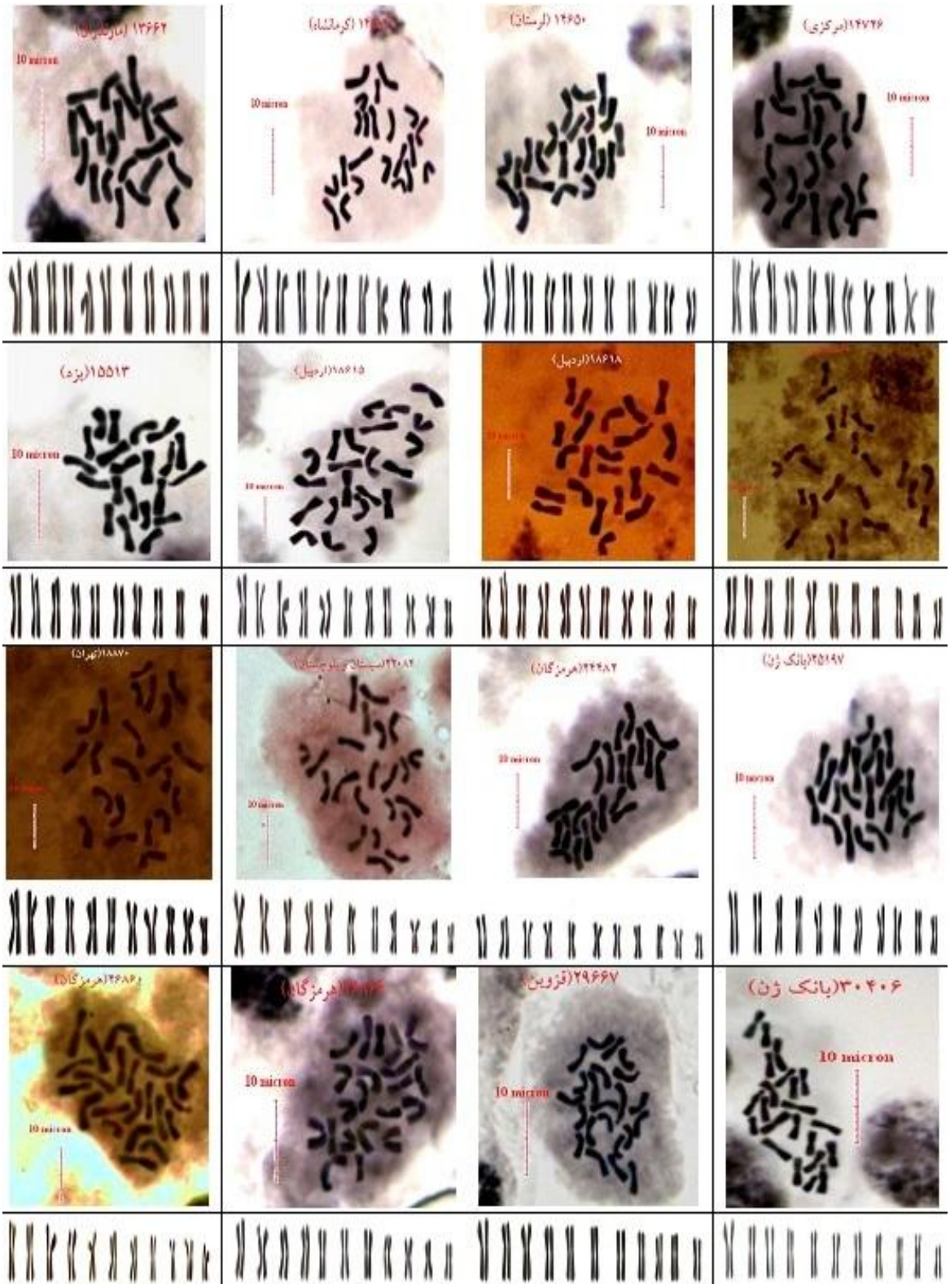
فرمول کاریوتیپی	کروموزوم ماهواره‌دار	تعداد ماهواره	اکسشن
10m+1sm		۰	۱۳۶۶۲،۱۸۸۷۰
11m	۲	۱	۱۴۸۵۴،۱۴۶۵۰، ۱۵۵۱۳،۱۸۶۱۸، ۲۶۸۶۶
11m	۱۰ و ۲	۲	۱۴۷۲۶
9m+2sm	۱۰ و ۲	۲	۱۸۶۱۵
11m		۰	۱۸۸۶۹، ۲۲۰۸۴، ۲۴۴۸۲، ۲۵۱۹۷
11m	۱۰	۱	۲۶۸۶۰، ۳۰۴۰۶
10m+1sm	۱۰ و ۲	۲	۲۹۶۶۷

جدول ۳- پارامترهای تقارن کاریوتیپی (تکامل) اکسشن‌های مورد بررسی

اکسشن	A_1	A_2	SC	VRC	DRL	%TF
۱۳۶۶۲	۰/۱۹۲	۰/۱۴۵	1A	۴/۹۷	۳/۸۹	۴۴/۳۵
۱۴۸۵۴	۰/۲۰۹	۰/۱۶۸	1A	۳/۵۴	۵/۵۲	۴۳/۸۶
۱۴۶۵۰	۰/۱۴۸	۰/۱۷۱	1A	۳/۵۸	۵/۵۵	۴۶/۰۳
۱۴۷۲۶	۰/۱۵۰	۰/۱۴۶	1A	۳/۴۱	۴/۴۲	۴۵/۷۵
۱۵۵۱۳	۰/۱۶۳	۰/۱۴۶	1A	۳/۰۹	۴/۷۸	۴۵/۴۶
۱۸۶۱۵	۰/۲۵۲	۰/۱۶۴	2A	۳/۷۱	۵/۲۹	۴۲/۲۶
۱۸۶۱۸	۰/۱۶۵	۰/۱۳۹	1A	۳/۵۲	۴/۳۸	۴۵/۴۴
۱۸۸۶۹	۰/۱۶۹	۰/۱۶۳	1A	۳/۲۷	۵/۱۶	۴۵/۲۰
۱۸۸۷۰	۰/۲۰۴	۰/۱۴۹	1A	۴/۱۵	۴/۶۶	۴۴/۱۷
۲۲۰۸۴	۰/۲۱۰	۰/۱۷۲	1A	۲/۹۳	۵/۳۱	۴۳/۹۸
۲۴۴۸۲	۰/۱۴۰	۰/۱۶۰	1A	۳/۳۱	۵/۲۰	۴۶/۰۲
۲۵۱۹۷	۰/۱۴۸	۰/۱۵۰	1A	۲/۸۱	۴/۴۲	۴۵/۸۹
۲۶۸۶۰	۰/۱۶۹	۰/۱۸۹	1A	۳/۹۱	۵/۶۸	۴۵/۴۲
۲۶۸۶۶	۰/۱۳۵	۰/۱۸۴	1A	۳/۲۶	۶/۰۹	۴۶/۲۷
۲۹۶۶۷	۰/۲۱۳	۰/۱۳۶	1A	۳/۴۳	۴/۲۰	۴۳/۸۱
۳۰۴۰۶	۰/۲۱۸	۰/۱۸۰	1A	۲/۷۰	۵/۵۰	۴۳/۷۸

www.SID.ir

Archive of SID



شکل ۱- تصاویر سلول متافازی و کاریوگرام اکسشن‌های مورد بررسی رازیانه

www.SID.ir

Archive of SID

تجزیه واریانس و مقایسه میانگین

نتایج تجزیه واریانس بین اکسشن‌های رازیانه در جدول ۴ نشان داده شده است. بین اکسشن‌ها از نظر تمامی صفات کروموزومی، مورد اندازه‌گیری بر اساس تجزیه واریانس اختلاف معنی‌داری در سطح ۱ درصد وجود داشت، بنابراین برای صفات اندازه‌گیری شده تنوع معنی‌داری بین ژرم‌پلاسم‌های مورد بررسی وجود داشت. با استفاده از آزمون چند دامنه‌ای دانکن اکسشن‌ها برای صفات مورد بررسی، در سطح ۵ درصد مقایسه و گروه‌بندی شدند (جدول ۵). با توجه به مقایسه میانگین‌ها برای صفت طول کروموزوم (TL) اکسشن ۱۸۸۷۰ (تهران) با میانگین طول کل ۵/۳۲ در گروه a و اکسشن‌های۱۳۶۶۲ (مازندران) و۲۶۸۶۰ (هرمزگان) با میانگین طول کل ۴/۹۹ میکرون در گروه ab قرار گرفتند و بیشترین طول کروموزومی را داشتند، و اکسشن ۳۰۴۰۶ (بانک ژن) با میانگین طول کروموزومی ۳/۳۹ در گروه g قرارگرفته و کوتاه‌ترین میانگین طول کرموزومی را به‌خود اختصاص داد. برای صفت طول بازوی بلند (LA) اکسشن ۱۸۸۷۰ (تهران) با طول بازوی بلند ۲/۹۷۴ در گروه a و اکسشن‌های ۱۳۶۶۲ (مازندران)، ۲۶۸۶۰ (هرمزگان) و ۱۸۶۱۵ (اردبیل) درگروه ab قرار گرفتند و بیشترین میانگین طول بازوی بلند را داشتند و اکسشن‌های ۲۵۱۹۷ (بانک ژن) و ۳۰۴۰۶ (بانک ژن) با طول‌های ۱/۹۳ و ۱/۹۰ میکرون کمترین میانگین طول بازوی بلند را داشتند و گروه e را به‌خود اختصاص دادند. برای طول بازوی کوتاه (SA)، اکسشن۱۸۸۷۰ (تهران) با میانگین طول بازوی کوتاه در گروه a و اکسشن‌های۱۳۶۶۲ (مازندران) و ۲۶۸۶۰ (هرمزگان) با میانگین طول بازوی کوتاه ۲/۲۵ میکرون در گروه ab قرار گرفتند و بیشترین میانگین طول بازوی کوتاه را به‌خود اختصاص دادند، و اکسشن ۳۰۴۰۶ (بانک ژن) کمترین میزان میانگین طول بازوی کوتاه را به‌خود اختصاص داد و در گروه e قرار گرفت. همچنانکه ملاحظه می‌گردد روند مقایسه میانگین‌ها برای سه صفت TL، LA و SA تقریباً شبیه به‌هم بود. اما برای دو صفت نسبت بازوها (AR) و شاخص سانترومری (CI)، بین اکسشن‌های مختلف نه تنها این روند وجود نداشت بلکه تنوع کمتری مشاهده شد. اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) از نظر صفت AR در گروه a و سایر اکسشن‌ها در دو گروه b و c قرار گرفتند، همچنین برای صفت شاخص سانترومری نیز اکسشن‌های ۲۵۱۹۷ (بانک ژن)، ۲۴۴۸۲ (هرمزگان) و ۲۶۸۶۶ (هرمزگان) درگروه a و اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) در گروه f قرار گرفت و دارای کمترین مقدار شاخص سانترومری و به‌عبارت دیگر بیشترین عدم تقارن درون کروموزومی بود.

جدول ۴- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات کاریوتیپی در اکسشن‌های رازیانه

منابع تغییر	درجه آزادی	TL (طول کل کروموزوم)	LA (طول بازوی بلند)	SA (طول بازوی کوتاه)	AR (نسبت بازوها)	CI (شاخص سانترومری)
اکسشن	۱۵	۱/۳۹**	۰/۴۴**	۰/۲۷**	۰/۰۰۱**	۰/۰۲**
خطا	۶۴	۰/۲۳	۰/۰۷	۰/۰۴۹	۰/۰۰۰۰۶	۰/۰۰۲
ضریب تغییرات(CV٪)		۱۱/۰۳	۱۰/۹۰	۱۱/۳۷	۱/۸۶	۳/۴۳
میانگین		۴/۳۶	۲/۳۹	۱/۹۵	۰/۴۵	۱/۲۵

**میانگین مربعات تیمار در سطح ۱درصد معنی‌دار است

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۵- مقایسه میانگین صفات کاریوتیپی در اکسشن‌های مورد مطالعه به‌روش دانکن

اکسشن	TL(«m)	LA(«m)	SA(«m)	CI	AR
۱۳۶۶۲	۴/۹۹ ab	۲/۷۲ ab	۲/۲۶ ab	۰/۴۵ abcd	۱/۲۳ c
۱۴۵۸۴	۴/۶۴۰ bcd	۲/۵۹ bc	۲/۰۲bc	۰/۴۴e	۱/۳۱ b
۱۴۶۵۰	۴/۵۲ bcd	۲/۴۲ bcd	۲/۰۶ abc	۰/۴۶ab	۱/۱۹ c
۱۴۷۲۶	۴/۴۳۲ bcde	۲/۳۵ bcd	۱/۹۹۰ bc	۰/۴۵ abc	۱/۱۸ c
۱۵۵۱۳	۳/۹۳۲ defg	۲/۱۳۶ de	۱/۷۸ cde	۰/۴۵ abc	۱/۲۳ c
۱۸۶۱۵	۴/۶۹ abc	۲/۶۸ ab	۱/۹۶ bcd	۰/۴۲ f	۱/۴۱ a
۱۸۶۱۸	۴/۵۱ bcd	۲/۴۲ bcd	۲/۰۲ bc	۰/۴۳ bcde	۱/۲۱ c
۱۸۸۶۹	۴/۱۳ cdef	۲/۲۶ cde	۱/۸۷ cd	۰/۴۵ ab	۱/۲۲ c
۱۸۸۷۰	۵/۳۳ a	۲/۹۷ a	۲/۳۵ a	۰/۴۴ cde	۱/۲۹ b
۲۲۰۸۴	۳/۷۸ efg	۲/۱۱ de	۱/۶۷ de	۰/۴۴ de	۱/۲۹ b
۲۴۴۸۲	۴/۱۷ cdef	۲/۲۵ cde	۱/۹۲ cd	۰/۴۶ a	۱/۱۹ c
۲۵۱۹۷	۳/۵۸ fg	۱/۹۳ e	۱/۶۵ de	۰/۴۶ a	۱/۱۸ c
۲۶۸۶۰	۴/۹۹ ab	۲/۷۲ ab	۲/۲۶ ab	۰/۴۵ abcd	۱/۲۳ c
۲۶۸۶۶	۴/۱۹ cdef	۲/۲۳ cde	۱/۹۲ cd	۰/۴۶ a	۱/۱۸ c
۲۹۶۶۷	۴/۴۲ bcde	۲/۴۷ bcd	۱/۹۳ bcd	۰/۴۴ e	۱/۲۳ b
۳۰۴۰۶	۳/۳۹ g	۱/۹۰ e	۱/۴۸ e	۰/۴۴ e	۱/۳۰ b

اعدادی که دارای حروف مشابه در هر ستون هستند با هم اختلاف معنی‌داری ندارند (p =۰/۰۵)

نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه= AR ، شاخص سانترومری = CI ، بازوی کوتاه = SA، بازوی بلند = LA ، طول کل کروموزوم = TL

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای

نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی شامل مقادیر ویژه، درصد از کل واریانس، درصد واریانس تجمعی و ضرایب بردارهای ویژه برای دو مؤلفه استخراج شده، در جدول ۶ نشان داده شده‌اند. این دو مؤلفه به‌ترتیب ۶۱/۰۵ و ۳۷/۰۵ درصد از کل واریانس بین اکسشن‌ها را شامل شدند. در مجموع ۹۹ درصد از تنوع موجود بین اکسشن‌های مورد مطالعه با دو مؤلفه اول بیان شد. مقادیر ضرایب بردارهای ویژه در مؤلفه اول نشان داد که صفات TL، SA و LA که همبستگی بالایی با یکدیگر داشتند، بیشترین نقش را در تشکیل این مؤلفه ایفا کردند. در مؤلفه دوم صفات CI و AR بیشترین سهم را در واریانس بین اکسشن‌ها داشتند. در مجموع با توجه به دو مؤلفه استخراج شده تمامی صفات در ایجاد تنوع بین اکسشن‌ها نقش داشتند.

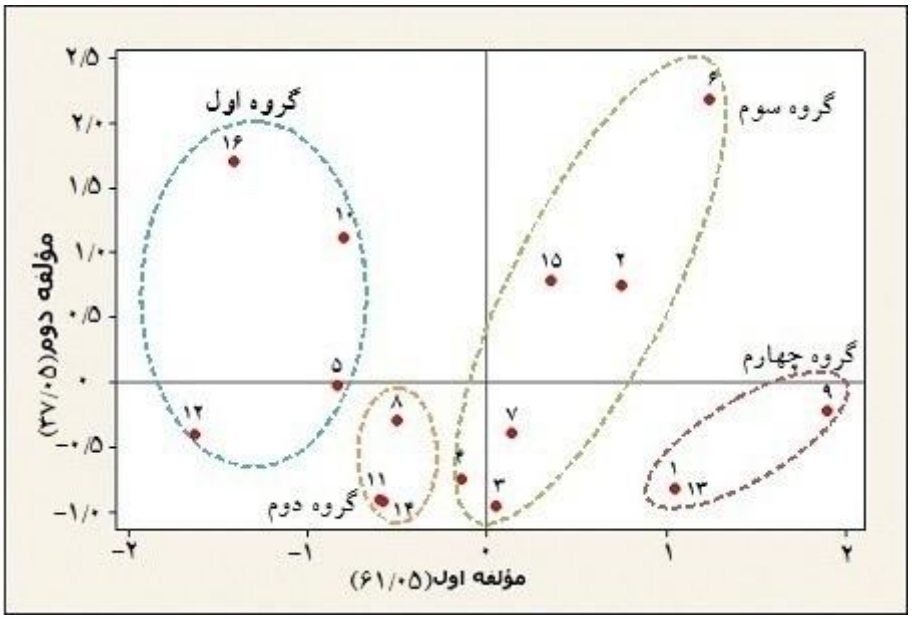
www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۶- ماتریس ضرایب حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در صفات سیتوژنتیکی

صفات	مؤلفه۱	مؤلفه۲
طول کل کروموزوم (TL)	۰/۵۵	-۰/۱۹
طول بازوی بلند (LA)	۰/۵۷	-۰/۰۸
طول بازوی کوتاه (SA)	۰/۵۱	-۰/۳۴
شاخص سانترومری (CI)	-۰/۲۵	-۰/۶۵
نسبت بازوها (AR)	۰/۲۴	۰/۶۵
مقادیر ویژه	۳/۰۸	۱/۸۹
درصد واریانس	۰/۶۱	۰/۳۷
درصد واریانس تجمعی	۰/۶۲	۰/۹۹

نمودار مربوط به پراکنش اکسشن‌ها بر اساس مقادیر مؤلفه اول و دوم در شکل ۲ ارائه شده است. با توجه به‌شکل مذکور بر اساس صفات مورد بررسی، گروه‌بندی اکسشن‌ها با نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای مطابقت داشت و اکسشن‌ها در ۴ گروه قرار گرفتند.

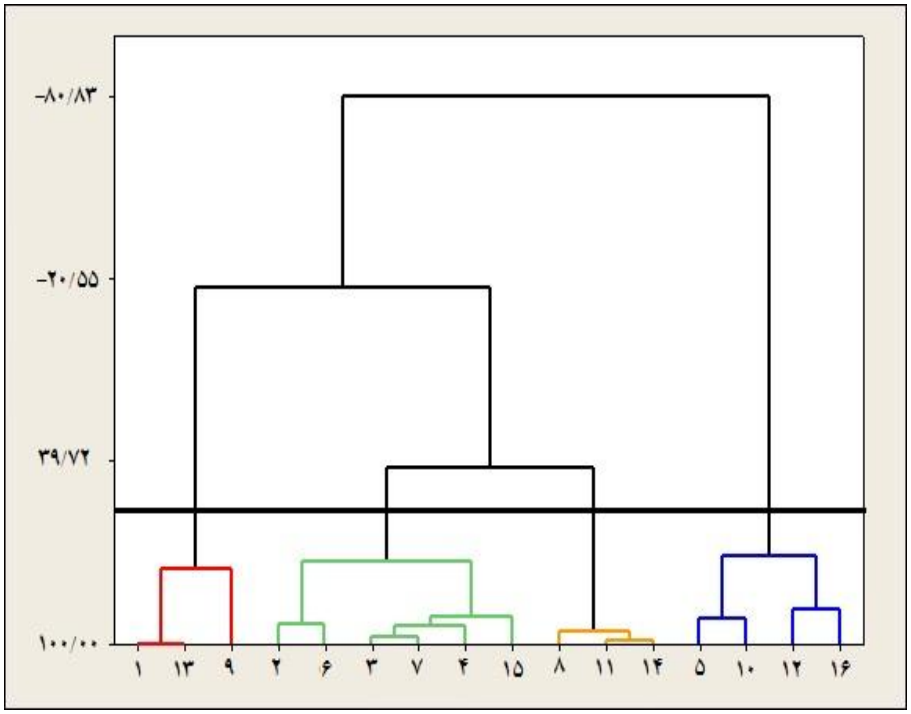


شکل ۲- دیاگرام پراکنش اکسشن‌ها بر اساس دو مؤلفه اصلی حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

www.SID.ir

Archive of SID

دندروگرام به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward در شکل ۳ ارائه شده است. همان‌طور که مشاهده می‌شود با برش دندروگرام اکسشن‌ها در ۴ خوشه قرار گرفتند. طبق دندروگرام خوشه اول شامل ۴ اکسشن (۵، ۱۰، ۱۲ و ۱۶)، خوشه دوم شامل ۳ اکسشن (۸، ۱۱ و ۱۴)، خوشه سوم شامل ۶ اکسشن (۲، ۶، ۳، ۷، ۴ و ۱۵) و خوشه چهارم شامل ۳ اکسشن (۱، ۱۳ و ۹) بودند. فاصله ژنتیکی بین اکسشن‌های رازیانه در جدول ۷ نشان داده شده است. بر این اساس کمترین فاصله با مقدار صفر بین اکسشن‌های **۱۳۶۶۲** (مازندران) و **۲۶۸۶۰** (هرمزگان) که بیانگر بیشترین شباهت بوده و بیشترین فاصله با مقدار یک بین اکسشن‌های **۱۸۸۷۰** (تهران) و **۳۰۴۰۶** (بانک ژن) بود که بیانگر کمترین شباهت می‌باشد.



شکل ۳- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای صفات برای اکسشن‌های مورد مطالعه با استفاده از روش Ward

www.SID.ir

Archive of SID

...

جدول ۷- فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های رازیانه بر اساس صفات کروموزومی

اکسشن	۱۳۶۶۲	۱۴۵۸۴	۱۴۶۵۰	۱۴۷۲۶	۱۵۵۱۳	۱۸۶۱۵	۱۸۶۱۸	۱۸۸۶۹	۱۸۸۷۰	۲۲۰۸۴	۲۴۴۸۲	۲۵۱۹۷	۲۶۸۶۰	۲۶۸۶۶	۲۹۶۶۷
۱۴۵۸۴	۰/۱۹														
۱۴۶۵۰	۰/۲۵	۰/۱۰													
۱۴۷۲۶	۰/۳۰	۰/۱۴	۰/۰۶												
۱۵۵۱۳	۰/۵۵	۰/۳۷	۰/۳	۰/۲۵											
۱۸۶۱۵	۰/۱۹	۰/۰۷	۰/۱۷	۰/۲۰	۰/۴۱										
۱۸۶۱۸	۰/۲۶	۰/۱	۰/۰۲	۰/۰۵	۰/۲۹	۰/۱۶									
۱۸۸۶۹	۰/۴۴	۰/۲۷	۰/۱۹	۰/۱۴	۰/۱۱	۰/۳۱	۰/۱۸								
۱۸۸۷۰	۰/۱۹	۰/۳۶	۰/۴۳	۰/۴۹	۰/۷۳	۰/۳۴	۰/۴۴	۰/۶۲							
۲۲۰۸۴	۰/۶۲	۰/۴۴	۰/۳۸	۰/۳۳	۰/۰۹	۰/۴۷	۰/۳۷	۰/۱۸	۰/۸						
۲۴۴۸۲	۰/۴۲	۰/۲۵	۰/۱۸	۰/۱۲	۰/۱۳	۰/۳۰	۰/۱۷	۰/۰۳	۰/۶۱	۰/۲۱					
۲۵۱۹۷	۰/۷۳	۰/۵۵	۰/۴۸	۰/۴۳	۰/۱۸	۰/۵۹	۰/۴۷	۰/۲۹	۰/۹۱	۰/۱۲	۰/۳۰				
۲۶۸۶۰	۰	۰/۱۹	۰/۲۵	۰/۳۰	۰/۵۵	۰/۱۹	۰/۲۶	۰/۴۴	۰/۱۹	۰/۶۲	۰/۴۲	۰/۷۳			
۲۶۸۶۶	۰/۴۲	۰/۲۵	۰/۱۷	۰/۱۱	۰/۱۳	۰/۳۰	۰/۱۶	۰/۰۹	۰/۶۰	۰/۲۲	۰/۰۱۲	۰/۳۱	۰/۴۲		
۲۹۶۶۷	۰/۳۰	۰/۱۱	۰/۰۸	۰/۰۸	۰/۲۶	۰/۱۵	۰/۰۷	۰/۱۶	۰/۴۷	۰/۳۳	۰/۱۵	۰/۴۴	۰/۳۰	۰/۱۴	
۳۰۴۰۶	۰/۸۲	۰/۶۴	۰/۵۸	۰/۵۲	۰/۲۸	۰/۶۷	۰/۵۷	۰/۳۸	۱	۰/۲۰	۰/۴۰	۰/۱۲	۰/۸۲	۰/۴۱	۰/۵۳

www.SID.ir

Archive of SID

بحث

با توجه به محاسبه صفات مختلف کاریوتیپی اکسشن‌های رازیانه، تعداد کروموزوم‌های این گونه ۲۲ محاسبه و بیان شد که تصاویر در شکل ۱ و نتایج کمی صفات در جدول ۲ بیان شده است. در ضمن Maude و Pamela (۱۹۳۹) با تحقیقی بر روی رازیانه عدد پایه کروموزومی آن را 2n=2x=22 گزارش کردند. همچنین در بین جمعیت‌های مورد بررسی از نظر صفات کاریوتیپی تنوع معنی‌داری را مشاهده کردند. طبق اطلاعات جدول ۲ فرم کروموزمی اکسشن‌های مورد بررسی در این تحقیق متفاوت و درون اکسشن‌ها تنوع مشاهده شد. همچنین Safaei و همکاران (۲۰۰۸ و ۲۰۱۱) با بررسی ۱۲ جمعیت رازیانه ایرانی و خارجی پایه کروموزومی این گیاه را x=11 و سطح پلوئیدی آن را 2n=2x=22 اعلام کردند و نتیجه‌گیری کردند کروموزوم‌های آن به سه حالت متاسانتریک، ساب‌متاسانتریک و گاهی ساب‌تلوسانتریک نیز دیده شده است. در ضمن Datta و Ritta (۲۰۰۳) کاریوتیپ و رفتار کروموزومی چند گونه از خانواده چتریان را بررسی کردند، نتایج آنها حاکی از این بود که حضور کروموزوم‌های متاسنتریک در جنس رازیانه متداول است. همچنین Sharma و Ghosh (۱۹۵۴) با مطالعه خصوصیات سیتوژنتیکی برخی از گیاهان خانواده چتریان نشان دادند تعداد کروموزوم‌های سوماتیک رازیانه 2n=22 است. همچنین آنها نتیجه‌گیری کردند که کروموزوم‌های رازیانه دارای طول‌های ۲/۸ تا ۲/۲ میکرون هستند و دارای دو ماهواره برروی کروموزوم‌های شماره ۲ و ۱۰ بودند. براساس جدول دوطرفه Stebbins اکسشن‌های مورد مطالعه در کلاس‌های تقارن مربوطه در جدول ۳ قرار گرفتند. طبق این جدول همه اکسشن‌های مورد بررسی به‌غیر از اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) در کلاس 1A، قرار گرفتند و اکسشن ۱۸۶۱۵ (اردبیل) در کلاس 2A قرار داشت. در ضمن Safaei و همکاران (۲۰۰۸) در تحقیقات خود بر روی کاریوتیپ ۵ جمعیت رازیانه گزارش کردند که با توجه به عامل‌های S٪ و DRL بیشترین تقارون کاریوتیپی به جمعیت‌های لرستان و نجف‌آباد و کمترین آن متعلق به جمعیت اصفهان بود.

وجود اختلاف معنی‌دار بین اکسشن‌ها از نظر پارامترهای اندازه‌گیری شده، پیش‌شرط تجزیه چند متغیره داده‌های سیتوژنتیکی می‌باشد. بنابراین به‌منظور تعیین وجود یا عدم وجود تفاوت بین اکسشن‌ها، میانگین مربعات به‌دست آمده در جدول ۴ نشان داده شد. بین اکسشن‌ها از نظر تمامی صفات کروموزومی، اختلاف معنی‌داری در سطح ۱ درصد وجود داشت. بنابراین برای صفات اندازه‌گیری شده تنوع معنی‌داری بین ژرم‌پلاسم‌های مورد بررسی وجود داشت. با استفاده از آزمون چنددامنه‌ای دانکن اکسشن‌ها از نظر صفات مورد بررسی، در سطح ۵٪ مقایسه و گروه‌بندی شدند (جدول ۵). با توجه به مقایسه میانگین‌ها، سه صفت TL، LA و SA بهتر از دو صفت CI و AR توانستند اکسشن‌ها را ارزیابی کنند. تعداد زیادی از پژوهشگران گزارش کردند که ارتباطی بین محتوی DNA بیشتر و سازگاری با آب هوای خشک وجود دارد. تنوع مقدار پایه DNA هسته در بهبود توانایی گیاه از لحاظ زندگی در محیط‌های متفاوت آب هوایی نقش دارد و اندازه ژنوم همبستگی مثبتی با سردترین ماه سال دارد (Principe, 1988). در این پژوهش با توجه به ارزش نسبی کروماتین بیشترین میزان کروماتین به اکسشن ۱۳۶۶۲ (مازندران)، (۴/۹۷ میکرون) و کمترین مقدار آن به اکسشن ۳۰۴۰۶ (بانک ژن)، (۲/۷۰ میکرون) اختصاص یافت در نتیجه اکسشن۱۳۶۶۲ (مازندران) احتمال سازگاری بیشتری به شرایط نامساعد محیطی نسبت به سایر اکسشن‌های مورد مطالعه دارد. سیزده جمعیت رازیانه توسط Sheidaie و همکاران (۲۰۰۷) بر اساس تقسیمات میوز دانه گرده مقایسه شدند و ضمن اعلام تعداد کروموزوم پایه 2n=2x=22 حالت بی‌والانت و کوآدراوالانت را در آنها مشاهده کردند. همینطور Seetharaman و همکاران (۲۰۰۴) ضمن بررسی‌های خود بر روی ۲۵ گونه از خانواده چتریان، کروموزوم‌های این خانواده را کوچک و طول آن را بین ۰/۸ تا ۶/۹ میکرومتر گزارش کردند.

با توجه به اینکه صفات TL، LA، SA، CI و AR بیشترین سهم را در واریانس بین اکسشن‌ها داشتند. با استفاده از این

www.SID.ir

Archive of SID

صفات به‌روش Ward تجزیه خوشه‌ای انجام شد و اکسشن‌ها در ۴ گروه قرار گرفتند. تنوع مورفولوژیک و مولکولی در توده‌های رازیانه توسط Shojaeifar (۲۰۱۲) نیز مطالعه شد. بر اساس تجزیه رگرسیون مرحله‌ای صفات ارتفاع و تعداد چتر بارور بیشترین سهم را در تغییر عملکرد دانه در بوته داشتند. نامبرده در مطالعه تنوع بر اساس هشت آغازگر ISSR، ۶۲ باند چند شکل را مشاهده کرده و ۱۸ ژنوتیپ مورد مطالعه را در چهار گروه قرار داد. تنوع ژنتیکی صفات مورفولوژیک و وراثت‌پذیری توده‌های رازیانه ایرانی توسط Maghsoudi و همکاران (۲۰۱۳) هم بررسی شد و اکثر صفات بررسی شده وراثت‌پذیری بالای ۹۰ درصد داشتند. تعداد ۱۵ ژنوتیپ ایرانی و خارجی در چهار گروه دسته‌بندی شدند. اکثر صفات اختلاف معنی‌دار داشتند. با توجه به جدول فاصله ژنتیکی بین اکسشن‌های رازیانه کمترین شباهت بین اکسشن‌های **۱۸۸۷۰** (تهران) و **۳۰۴۰۶** (بانک ژن) وجود داشت. هرچه این فاصله بیشتر باشد برای دورگ‌گیری در برنامه‌های اصلاحی مناسب‌تر هستند.

منابع مورد استفاده

- Abdemishani, S. and Shahnejate Bousheri, A., 2008. Complementary Plant Breeding. Vol. 1, Tehran University Press, Iran Pp. 271, (In Persian).
- Bernath, J., 2000. Medicinal and Aromatic Plants Mezo. Publ. Budapest. pp 667.
- Datta, A.K. and Rita, P., 2003. Chromosomal studies in four seed species of Umbelliferae. Indian Journal of Genetic and Plant Breeding, 63: 361-362.
- Ehdaei, B., 1994. Plant Breeding. Mashhad University Press, Iran, P. 456, (In Persian).
- Estilai, A. and Hashemi, A., 1990. Chromosome number and meiotic behavior of cultivated chia, salvia, hisponica. Hort Sciense, 25:1646-164
- Izadi Darbandi, A. and Bahmani, K., 2011. Principle of Fennel Cultivation and Breeding. Tamadone Pars, Iran, Pp. 271, (In Persian).
- Maghsoudi Kelardashti, H., Rahim Malek, M., Sabzalian, M. and Talebi, M., 2013. Study of genetic variation of morphological traits and heritability of Iranian Fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.). Journal of Taxonomy and Biosystematic, 18: 77-86.
- Maude, M. and Pamela. F., 1939. The merton catalogue. A list of the chromosome numerals of species of British flowering plants. New Phytologist, 38: 1-31.
- Michaud, R., Tremblay, G.F., Belanger, G. and Michaud, M., 1990. Proteolysis in alfalfa silages made from different cultivars. Journal Agriculture and Agri-Food Canada, Soils and Crops Research and Development Center, 2560 Hochelaga blvd, Sainte-Foy, Quebec, Canada, G1V 213.
- Mirzaie-Nodoushan, H., Mehrpur, Sh., Rezaie, M. and Rashvand, S., 2002. Primary karyotypic investigation on several populations of *Aloe litoralis*. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 9: 49-84, (In Persian).
- Omidi, M. and Farzin, N., 2009. Biotechnological strategies in increasing efficiency of medicinal plants. Regional conference of Food and Biotechnology. Islamic Azad University of Kermanshah, 55-60, (In Persian).
- Principe, P.P., 1988. Evaluating the diversity of Medicinal Plants. The Conservation of Medicinal Plants. Proceedings of an International Consultation, 21-27 Chiang Mai, Thailand. Cambridge University Press, 79-124.
- Safae, L., Zainali, H. and Jaber-al-ansar, Z., 2008. Karyotype study of five Fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.). Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 16: 117-125, (In Persian).
- Safae, L., Zainalim, H. and Afiuni, D., 2011. Study of genetic variability based on morphological traits between fennels (*Foeniculum vulgare* Mill.) genotypes. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 1: 167-180, (In Persian).
- Seetharaman, N., Dhanavel, D. and Pavadai, P., 2004. Unique features of growth in some members of Apiaceae. Plant Archives, 4: 443-446.
- Sharma, A.K. and Ghosh, C., 1954. Cytogenetics of some of the Indian Umbellifers. Genetica Journal. 8:17-44.
- Sheidaie, M., Kalhor-home, N. and Poorneydanei, A., 2007.Cytogenetic study of some populations of *Foeniculum vulgare* (Umbelliferae) in Iran. Caryologia, 60: 257-261.
- Shojaeifar, S., 2012. Study of morphological and molecular variation of in Iranian native Fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.) genotypes. M.Sc. Thesis. Technical University of Isfahan, Iran, Pp. 195, (In Persian).
- Stebbins, G. L., 1971. Chromosomal Evolution in Higher Plants. Edward Arnold, London.
- Yazdani, D., Shahbazi, S. and Saifi, H., 2004. Cultivation and Harvesting of Medicinal Plants. Vol. 1, Research Institute of Medicinal Plant of Jihade Daneshgahi, Iran, pp. 245, (In Persian).

www.SID.ir

Archive of SID

Investigation of genetic variability in fennel (*Foeniculum vulgare*) using karyotype analysis

N. Moradzade[1], M. Farshadfar[2]*, E. Farshadfar[3] and H. Shirvani[4]

1-M.Sc., Razi University, Kermanshah, I.R.Iran,
2-*Corresponding author, Assoc. Prof., Department of Agriculture, Payame Noor University, I.R.Iran, Email: farshadfarmohsen@yahoo.com
3-Prof., Razi University, Kermanshah, I.R.Iran
4- M.Sc., Department of Agriculture, Payame Noor University, I.R.Iran

Received: 02.06.2015 Accepted: 22.08.2015

Abstract

Fennel (*Foeniculum vulgare* Mill.) is an important, well-known aromatic and medicinal herb. In order to evaluate karyotipic variation and relationship between karyotipic traits of 16 Iranian *Foeniculum vulgare* accessions, an experiment was conducted based on a completely randomized design with five replications at biotechnology laboratory of Payame Noor University of Kermanshah, Iran. Using squash method several kariotipic characters were measured. All of the 16 fennel accessions had 22 chromosomes. Analysis of variance showed significant differences among the accessions for the studied traits. There was significant variation among the accessions for total chromosome form. There were significant differences between the groups for the karyotypic traits. Two satellites were observed in the accessions 14726 (Markazi), 8615 (Ardabil), 29667 (Ghazvin). One satellite was also observed in the other studied accessions. Based on Stebbins table, all of the accessions, except 18650 (Ardabil) located in 1A class while Ardabil accession located in 2A class. Hormozgan (24482) accession had minimum asymmetrical index while Ardabil accession had the greatest amount of Asymmetrical index value. Cluster analysis classified the accessions into 4 groups. Principle components analysis revealed that 99 percent of variance was explained by the first two principal components.

Keywords: Cytogenetic, *Foeniculum vulgare*, genetic diversity, karyotype.

www.SID.ir