ژنتیک نوین
دوره پنجم، شماره ۳، پاییز ۱۳۸۹
صفحه ۴۳-۳۵

# تجزیه و تحلیل خصوصیات سیتوژنتیک درجمعیت‌های کرفس کوهی

زهرا جابرالانصار[۱]، آقافخر میرلوحی*[۲]، مهدی بصیری[۳]، مجید ایروانی[۴]، رضا محمدی[۵]

۱- کارشناس ارشد مرتعداری مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان اصفهان
۲- استاد دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی اصفهان
۳و۴- به ترتیب دانشیار و استادیار دانشکده منابع طبیعی دانشگاه صنعتی اصفهان
۵- کارشناس ارشد پژوهشکده بیوتکنولوژی منطقه مرکزی ایران- اصفهان
* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mirlohi@cc.iut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۸۸/۱۰/۲۰ - تاریخ پذیرش: ۸۹/۳/۳۰)

## چکیده

**بر اساس گزارش‌های موجود کرفس کوهی متعلق به منطقه زاگرس مرکزی بوده و تا کنون گزارشی از حضور آن در مناطق دیگر وجود ندارد. این مطالعه به منظور بررسی وضعیت سیتوژنتیک پنج جمعیت کرفس کوهی و ارتباط آنها با دو جمعیت کرفس زراعی و کرفس گره در سلول‌های مریستمی انتهایی ریشه انجام شد. نتایج نشان داد که تعداد کروموزوم‌های پایه در ژنوتیپ‌های کرفس کوهی و کرفس گره همانند کرفس زراعی برابر ۱۱ بوده است. بر اساس جدول دو طرفه استبینز ژنوتیپ‌های کرفس زراعی، کرفس گره و کرفس کوهی کوهرنگ در گروه 2A و ژنوتیپ‌های کرفس کوهی دره سپستان، سرآقاسید، فریدونشهر و کاهگان علیا در گروه 2B قرار گرفتند. بر این اساس جمعیت‌های کرفس کوهی شامل دره سپستان، سرآقاسید، فریدونشهر و کاهگان علیا نامتقارن‌ترین و در عین حال متکامل‌ترین ژنوتیپ‌ها بودند. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که دو مؤلفه اول در مجموع ۷۶ درصد از کل واریانس موجود بین ژنوتیپ‌ها را توجیه کرد. در مؤلفه اول صفاتی مانند میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه، طول کوچکترین کروموزوم، نسبت طول بزرگترین به کوچکترین کروموزوم و طول نسبی کوتاهترین کروموزوم دارای بیشترین اهمیت در واریانس بین ژنوتیپ‌ها بودند. در مؤلفه دوم صفات درصد شکل کلی، میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه، میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند و شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی بیشترین نقش را در ایجاد تنوع داشتند. تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (Ward)، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در سه گروه قرار داد. در این بررسی بیشترین فاصله بین ژنوتیپ کرفس زراعی وکاهگان علیا وجود داشت که بیانگر کمترین قرابت و کمترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های فریدونشهر وکاهگان علیا مشاهده شد. نمودار حاصل از پراکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس دو مؤلفه اصلی اول و دوم، ژنوتیپ‌های مورد بررسی را در سه گروه متمایز قرار داد که این امر نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای را تأیید نمود.**

**واژه‌های کلیدی**

خصوصیات سیتوژنتیکی،
تجزیه خوشه‌ای،
کرفس کوهی

[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]

## مقدمه

کرفس کوهی یکی از گیاهان تغذیه‌ای، مرتعی و بومی ایران بوده و تاکنون وجود آن در سایر مناطق در سطح جهان گزارش نشده است. مظفریان (۲۰۰۳) کرفس کوهی را با نام علمی *Kelussia odoratissima* Mozaff به عنوان گونه‌ای جدید از جنس جدید Kelussia معرفی نمود. این گیاه چندساله و متعلق به خانواده چتریان است و ارتفاع آن بین ۱۲۰ تا ۲۰۰ سانتیمتر متغیر است. ریشه راست و دوکی شکل به همراه غده بزرگی مملو از موادغذایی در قسمت فوقانی از خصوصیات بارز قسمت‌های زیرزمینی این گیاه است. برگ‌ها دارای بریدگی‌های پنجه‌ای شکل و در قاعده دارای دم‌برگ‌های بلند و بدون غلاف می‌باشند. گل آذین کرفس کوهی با گل‌های زرد رنگ به صورت چترهای انتهایی کاملاً بارور و چترهای جانبی اغلب گل‌های نر و غیر بارور و به صورت ۲ تا ۸ شعایی می‌باشد. بذر گیاه درشت و صفحه‌ای شکل به رنگ قهوه‌ای مایل به زرد است و در سطح بذر سه رگه کاملاً برجسته دیده می‌شود (۱۱). کرفس کوهی دارای خواص دارویی متنوعی است و مردم محلی از آن به عنوان ضددرد، ضدالتهاب، آرام بخش، ضد سرفه، ضد ویروس، ضد دیابت و ضد روماتیسم استفاده می‌کنند (۳). همچنین این گیاه را می‌توان به فرآورده‌هایی از قبیل ترشی و کمپوت تبدیل و بر ارزش اقتصادی آن افزود.

کرفس گره (*Smyrnium cordifolium* Boiss.) که شباهت بسیار زیادی به کرفس کوهی دارد، گیاهی است دوساله و همانند کرفس کوهی متعلق به خانواده چتریان می‌باشد. ارتفاع آن بین ۸۰ تا ۱۲۰ سانتی‌متر متغیر است. ساقه ضخیم، ایستاده، استوانه‌ای با شاخه‌های متقابل و دیهیم‌وار می‌باشد. برگ‌ها دمبرگ‌دار، وسیع با سه بار تقسیم سه تایی و تخم مرغی شکل مشخص می‌شوند. گل‌آذین کرفس گره با گل‌های زردرنگ به صورت چترهای ۱۵ تا ۲۰ شعاعی، بدون گریبان و گریبانک مشاهده می‌شود. میوه دوتایی، سیاه فام، کوچک و با مریکارپ مدور فاقد پره مشخص می‌شود و زمان گلدهی فصل بهار می‌باشد. این گیاه در رویش گاه‌های کرفس کوهی به وفور دیده می‌شود (۵).

داشتن اطلاعات کافی در مورد ویژگی‌های سیتوژنتیکی و کاریوتیپی هر گیاه از جمله نیازهای اولیه برای شناخت، حفاظت و بهره برداری صحیح از آن می‌باشد و امروزه در مطالعات گیاه-شناسی نیز کاربرد فراوان دارد. کرفس زراعی (*Apium graveolens* L) و کرفس گره از نظر خصوصیات ظاهری شباهت زیادی به کرفس کوهی دارند ولی تاکنون هیچگونه مطالعات کروموزومی و ژنتیکی بر روی کرفس کوهی انجام نشده و رابطه ژنتیکی این گونه با دو گونه زراعی و مرتعی مذکور ناشناخته باقی مانده است. مطالعات کروموزومی زیادی بر روی کرفس زراعی انجام گرفته است. آنورادها (۱۹۷۷) با بررسی سیتوژنتیک شش واریته کرفس زراعی، نتیجه‌گیری کرد که همه واریته‌ها دارای ۲۲ کروموزوم بوده و این واریته‌ها فقط در تعداد کروموزوم‌های دارای فرورفتگی ثانویه با یکدیگر متفاوت بودند (۷). هور و شارما (۱۹۷۶) با مطالعه بر روی جنس‌های Apium و Petroselinum، تعداد کروموزوم معمول را ۲۲ = ۲n و اندازه کروموزوم‌ها را از ۱/۷ میکرون تا ۱۰/۲ میکرون برآورد کردند (۹). موراتا (۱۹۸۴) در بررسی ستیوژنتیک کرفس زراعی و استفاده از روش نوار بندی G، تعداد کروموزوم پایه (x) را یازده کروموزوم گزارش نمود و بر اساس موقعیت سانترومر آنها را به صورت ۹ کروموزوم نیمه متاسنتریک، یک کروموزوم متاسنتریک و یک کروموزوم تلوسنتریک طبقه‌بندی کرد (۱۲). پول و همکاران (۲۰۰۳) در بررسی کاریوتیپ و رفتار کروموزومی کرفس زراعی، طول کل کروماتین هاپلوییدی، درصد شکل کلی و نسبت کوتاه‌ترین کروموزوم به بلندترین کروموزوم را به ترتیب برابر با ۲/۳ ± ۳۰/۴۱ میکرون، ۴۲/۰۳ درصد و ۳۷/۶ درصد برآورد نمودند (۱۳). سیتارامن (۲۰۰۴) ضمن مطالعه بر روی ۲۵ گونه از خانواده چتریان، کروموزوم‌های این خانواده را کوچک و طول آنها را بین ۰/۸ تا ۶/۹ میکرومتر گزارش نمود (۱۵).

این پژوهش به منظور بررسی خصوصیات سیتوژنتیک پنج جمعیت کرفس کوهی و ارتباط آنها با دو جمعیت کرفس زراعی و کرفس گره طرح‌ریزی شد. اطلاعات بدست آمده در خصوص بازنگری در طبقه بندی و نام گذاری این گیاه و همچنین حفاظت و بهره‌برداری صحیح آن کارایی خواهد داشت.



[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]

جدول۱- جمعیت‌های مورد بررسی و محل جمع‌آوری آنها

| شماره | جمعیت گیاهی | استان | شهر | منطقه |
|---|---|---|---|---|
| ۱ | کرفس زراعی | اصفهان | اصفهان | اصفهان |
| ۲ | کرفس وحشی | اصفهان | فریدونشهر | کاهگان علیا |
| ۳ | کرفس وحشی | اصفهان | فریدونشهر | فریدونشهر |
| ۴ | کرفس گره | اصفهان | فریدونشهر | فریدونشهر |
| ۵ | کرفس وحشی | چهار محال و بختیاری | کوهرنگ | ارتفاعات کوهرنگ |
| ۶ | کرفس وحشی | چهار محال و بختیاری | کوهرنگ | سرآقاسید |
| ۷ | کرفس وحشی | اصفهان | فریدونشهر | دره سپستان |

## مواد و روش‌ها

به منظور بررسی تنوع سیتوژنتیک کرفس کوهی، پنج جمعیت این گیاه از نقاط مختلف استان‌های اصفهان و چهار محال و بختیاری جمع آوری و همراه با یک ژنوتیپ کرفس زراعی و یک جمعیت کرفس گره مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول۱).

در مرحله نخست بررسی‌های آزمایشگاهی، بذور پس از ضد عفونی با محلول هیپوکلریدسدیم ۱۰ درصد به مدت ۱۰ دقیقه، روی کاغذ صافی مرطوب و در ظروف پتری کاشته شدند و در دمای پنج درجه سانتیگراد و تاریکی کامل نگهداری شدند. پس از جوانه زنی و رشد ریشه به طول دو سانتیمتر، قسمت انتهایی ریشه جدا گردید و به ترتیب مراحل پیش تیمار ( محلول کاری منو برومو نفتالین به مدت ۵/۵ ساعت)، تثبیت (محلول لویتسکی مرکب از اسید کرومیک یک درصد و فرمالدئید ده درصد به نسبت یک به یک با زمان ۳٦ ساعت)، شستشو، نگهداری (الکل ۷۰ درصد به مدت ۱ هفته در دمای دو تا سه درجه سانتیگراد) جداسازی ریشه‌ها و هیدرولیز (محلول هیدروکسید سدیم یک نرمال با زمان ۱۲ دقیقه و رنگ‌آمیزی (مخلوط ٤ گرم پودر هماتوکسیلین، ۱۰۰ میلی لیتر اسید استیک ٤٥ درصد و یک گرم آمونیم سولفات) روی نمونه‌ها انجام شد. در مرحله پایانی تهیه اسلاید به روش اسکواش و پس از آن تصاویر کروموزومی تهیه گردیدند (٦). پس از بررسی و تهیه کاریوتیپ برای هر ژنوتیپ (سه نمونه)، صفات طول بزرگترین کروموزوم، طول کوچکترین کروموزوم، میانگین طول کروموزوم‌ها، نسبت طول بزرگترین به کوچکترین کروموزوم، میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه، میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند، تقارن کاریوتیپی و دامنه شاخص سانترومری (CI) محاسبه گردید. در این بررسی برای تعیین وضعیت تکاملی و مطالعه تقارن کاریوتیپی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از جدول دو طرفه استبینز استفاده شد (١٦) و خصوصیاتی مانند اختلاف درصد طول نسبی بزرگترین و کوچکترین کروموزوم (DRL%)، طول نسبی کوتاهترین کروموزوم (S%)، شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A2) (١٤) و درصد شکل کلی (TF%) (۹) محاسبه گردید. برای تعیین نوع کروموزوم‌ها از روش لوان (Levan) استفاده شد (۱۰). برای تعیین نقش هر یک از صفات اندازه گیری شده در ایجاد تنوع بین ژنوتیپ‌ها از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (Ward)و نرم افزار SPSS استفاده شد.

## نتایج و بحث

تصاویر متافاز میتوزی و کاریوتیپ منظم شده جمعیت‌های مورد مطالعه در شکل‌های ۱ و ۲ و نتایج حاصل از تجزیه کاریوتیپی آنها در جدول۲ نشان داده شده است. بر اساس تصاویر و جدول۲، همه گونه‌های مورد مطالعه دیپلوئید و عدد پایه کروموزومی آنها ۱۱ بود. نتایج بدست آمده در این پژوهش با نتایج موراتا (١٩٨٤)، برآورز و اورتون (١٩٨٦)، آنورادها (۱۹۷۷)،



[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

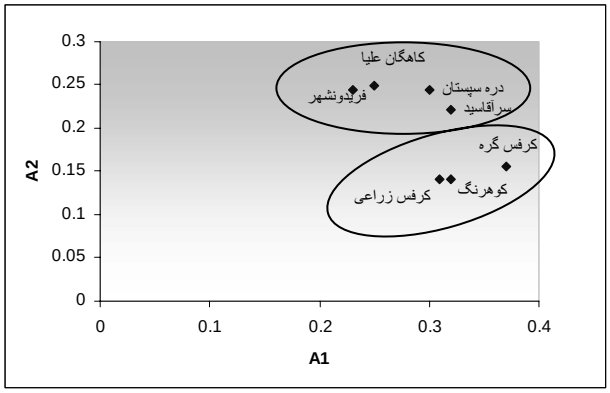
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]

پول و همکاران (۲۰۰۳)، هور و شارما (۱۹۷٦) و سیتارامن (۲۰۰٤) در خانواده چتریان مطابقت دارد. طبق جدول شماره ۲ گونه کرفس گره دارای بیشترین مقدار شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی بوده و در جدول دو طرفه استیبنز (۱۶) به همراه گونه کرفس زراعی و جمعیت کوهرنگ در کلاس 2A قرار گرفتند. جمعیت‌های کرفس کوهی شامل کاهگان علیا، فریدونشهر، سرآقاسید و دره سپستان کلاس 2B را به خود اختصاص دادند. جمعیت کاهگان علیا دارای بیشترین مقدار A2 و DRL% (متکامل‌ترین کاریوتیپ از لحاظ بین کروموزومی) بوده که این موضوع استقرار این گونه را در کلاس B تایید می‌نماید. جمعیت فریدونشهر با داشتن بیشترین مقدار TF% (٤۲/۵۳) و کمترین مقدار A1 (۰/۲۳) به‌عنوان متقارن‌ترین کاریوتیپ و گونه کرفس گره با داشتن کمترین مقدار TF% (۳۸/۲) و بیشترین مقدار A1 (۰/۳۷) به‌عنوان نامتقارن‌ترین و در عین حال متکامل‌ترین کاریوتیپ (از لحاظ درون کروموزومی) می‌باشند.

نمودار حاصل از پراکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس دو پارامتر A1 و A2، وضعیت تقارن و تکامل کاریوتیپ ژنوتیپ‌های مختلف را در شکل۱ نشان می‌دهد. همانگونه که قابل مشاهده است ژنوتیپ‌های مورد بررسی از لحاظ تکامل کاریوتیپی در دو گروه کاملا مجزا از یکدیگر قرار می‌گیرند به طوری که ژنوتیپ‌های کاهگان علیا، فریدونشهر، سرآقاسید و دره سپستان در گروه اول و گونه‌های کرفس زراعی، کرفس گره و یکی از جمعیت‌های کرفس کوهی (کوهرنگ) در گروه دوم قرار گرفتند. جمعیت کاهگان علیا با دارا بودن بیشترین مقدار A2 (۰/۲٤۸) و کمترین تقارن بین کروموزومی از لحاظ تکامل در گروه 2B و گونه کرفس گره با دارا بودن بیشترین مقدار A1 (۰/۳۷) و کمترین تقارن درون کروموزومی از نظر تکامل در گروه 2A قرار گرفته است. از نظر اختلاف درصد طول نسبی بزرگترین و کوچکترین کروموزوم، بیشترین مقدار این پارامتر به جمعیت کاهگان علیا (۱۲/٤-۳/۵٤) و کمترین مقدار آن به جمعیت کوهرنگ (۱۱/۲۹-٦/٦۹) تعلق داشت (جدول ۲).

روند تغییرات DRL% و A2 (به‌عنوان پارامترهای نامتقارن بودن بین کروموزومی) در ژنوتیپ‌ها مورد مقایسه قرار گرفت (شکل۲) و در این مقایسه رابطه مثبتی بین این دو پارامتر فوق وجود داشت. این نتیجه بیانگر این مطلب است که اندازه‌گیری یکی از دو پارامتر ذکر شده جهت تعیین تغییرات بین کروموزومی کفایت می‌کند. روند تغییرات TF% و A1 (به عنوان پارامترهای نامتقارن بودن درون کروموزومی) نیز در ژنوتیپ‌های مورد بررسی با داشتن رابطه منفی نشان دهنده تغییرات درون کروموزومی می‌باشند که با اندازه گیری یکی از این دو پارامتر نسبت به میزان متقارن بودن کروموزوم‌ها اطلاع خواهیم یافت (شکل۳). حسام زاده و صفری نیز در مطالعات جداگانه‌ای بر وجود رابطه معکوس بین دو شاخص A1 و TF% به عنوان شاخص‌های عدم تقارن درون کروموزومی و ارتباط مستقیم و مثبتی بین دو شاخص A2 و DRL% به عنوان شاخص‌های عدم تقارن بین کروموزومی در جمعیت‌های مورد بررسی تأکید نمودند (۱، ۲ و ٤).

شکل۱- نمای پراکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس دو پارامتر A1 و A2
(به ترتیب شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی و بین‌کروموزومی)





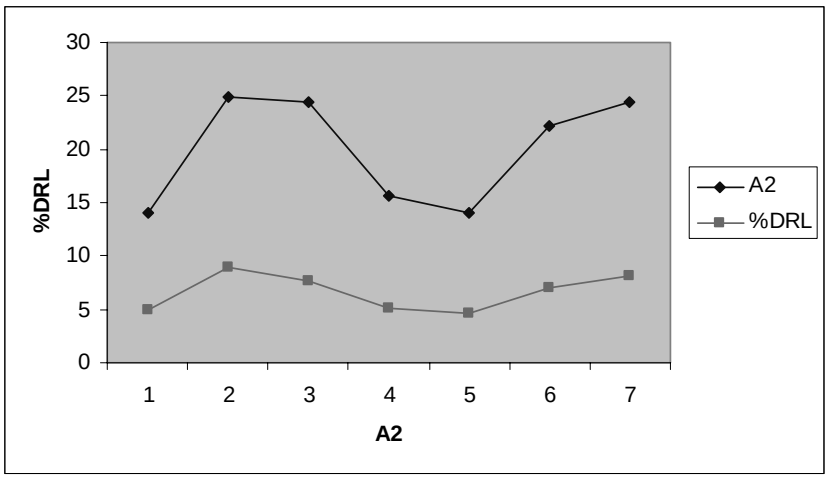

[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]

جدول۲- مقایسه صفات کاریوتیپی جمعیت‌های کرفس مورد مطالعه

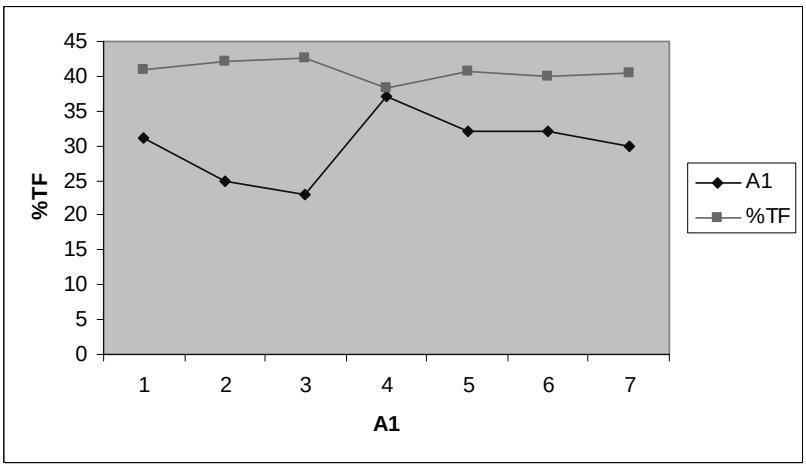
| ژنوتیپ | تعداد کروموزوم | طول بزرگترین کروموزوم (میکرون) | طول کوچکترین کروموزوم ( میکرون) | نسبت طول بزرگترین به کوچکترین کروموزوم | فرمول کاریوتیپی | میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه | میانگین طول کروموزوم‌ها (میکرون) | %TF | %S | دامنه طول نسبی | دامنه شاخص سانترومری | A1 | A2 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| کرفس زراعی | ۲۲ | ٦/۲۹ | ۳/۷ | ۱/۷ | ۷m + ۳sm +st | ۱/٦٥ | ٤/۷۸ | ٤۰/۸٤ | ۵۸/۸۲ | ۷/۰٤ – ۱۱/۹۷ | ۲۰ – ٤۷/۰٦ | ۰/۳۱ | ۰/۱٤ |
| کاهگان علیا | ۲۲ | ۱۰/۳۷ | ۲/۹٦ | ۳/۵ | ۷m + ٤sm | ۱/٤۷ | ۷/٦۱ | ٤۲/۰۳ | ۲۸/۵۷ | ۳/٥٤ – ۱۲/٤ | ۲۷/۷۷ – ۵۰ | ۰/۲۵ | ۰/۲٤۸ |
| فریدونشهر | ۲۲ | ۹/۲٦ | ۲/۹٦ | ۳/۱۳ | ۸m + ۳sm | ۱/٤۷ | ۷/٤٤ | ٤۲/۵۳ | ۳۲ | ۳/٦۲ – ۱۱/۳۱ | ۲۷/۷۷ – ۵۰ | ۰/۲۳ | ۰/۲٤٤ |
| کرفس گره | ۲۲ | ۹/۲٦ | ٤/۸۱ | ۱/۹۲ | ٦m +٤sm + st | ۱/۷٤ | ۷/۸٤ | ۳۸/۲ | ۵۹/۲٦ | ۵/۵۸ – ۱۰/۷۳ | ۲۳/۸ – ٤۷/۸۲ | ۰/۳۷ | ۰/۱۵٦ |
| کوهرنگ | ۲۲ | ۱۰ | ۵/۹۲ | ۱/٦۹ | ۹m + ۲sm | ۱/۵۵ | ۸/۰٤ | ٤۰/۵۸ | ۵۹/۲٦ | ٦/٦۹ – ۱۱/۲۹ | ۲۹/٤۱–٤٤/٤٤ | ۰/۳۲ | ۰/۱٤۱ |
| سرآقاسید | ۲۲ | ۹/۲٦ | ۳/۳۳ | ۲/۷۸ | ۸m + ۲sm+st | ۱/٦۷ | ۷/۷٤ | ٤۰ | ۳٦ | ۳/۹۱ – ۱۰/۸۷ | ۲۲/۲۲ – ۵۰ | ۰/۳۲ | ۰/۲۲۱ |
| دره سپستان | ۲۲ | ۱۰/۳۷ | ۲/۹٦ | ۳/۵ | ۹m+ sm + st | ۱/۵۸ | ۸/۲۵ | ٤۰/٤۱ | ۲۸/۵۷ | ۳/۲٦ – ۱۱/٤۳ | ۲۲/۲۲ – ۵۰ | ۰/۳۰ | ۰/۲٤۳ |

m: متاسنتریک، sm: ساب متاسنتریک، st: ساب تلوسنتریک، ٪TF: درصد شکل کلی، ٪S: طول نسبی کوتاه ترین کروموزوم، AI: شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی، A2: شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی

شکل۲- مقایسه روند تغییرات دو پارامتر DRL% و A2 در ژنوتیپ‌های مورد بررسی




شکل۳- مقایسه روند تغییرات TF% و A1 (به ترتیب درصد شکل کلی و شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی)






[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]

جدول۳- مقادیر ویژه، درصد واریانس و ضرایب بردارهای ویژه دو مولفه در تجزیه به مولفه‌های اصلی بر اساس صفات کاریوتیپی

| صفات کاریوتیپی | مولفه اول | مولفه دوم |
|---|---|---|
| میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه | -۰/۹٤ | -۰/۹۵ |
| میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند | ۰/۳۸ | ۰/۹۳ |
| طول کوچکترین کروموزوم | -۰/۹۳ | -۰/۳۱ |
| شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی | -۰/۳۷ | -۰/۹۳ |
| درصد کلی فرم | ۰/۲۰ | ۰/۹۷ |
| نسبت طول بزرگترین کروموزوم به کوچکترین | ۰/۸۲ | ۰/۳۹ |
| %S | -۰/۸۲ | -۰/٤۳ |
| مقادیر ویژه | ٤/۵۵ | ٤/۵٤ |
| درصد واریانس | ۳۷/۹۱ | ۳۷/۸۷ |
| درصد واریانس تجمعی | ۳۷/۹۱ | ۷۵/۷۸ |

برای تعیین نقش هر یک از صفات کاریوتیپی مورد مطالعه در تنوع بین ژنوتیپ‌ها، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام شد که نتایج حاصل در جدول۳ آورده شده است. بر این اساس دو مؤلفه اول و دوم در مجموع ۷۵/۷۸ درصد از تنوع موجود بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را توجیه نمودند. مقادیر ضرایب بردارهای ویژه در مؤلفه اول نشان داد که صفات میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه (۰/۹٤-)، طول کوچکترین کروموزوم (۰/۹۳-)، طول نسبی کوتاهترین کروموزوم (۰/۸۲-) در برابر نسبت طول بزرگترین به کوچکترین کروموزوم (۰/۸۲) با داشتن بالاترین ضرایب بردارهای ویژه دارای بیشترین اهمیت در واریانس بین ژنوتیپ‌ها بودند. در مؤلفه دوم نیز صفات درصد کلی فرم (۰/۹۷)، میانگین نسبت بازوی کوتاه به بلند (۰/۹۳) در برابر میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه (۰/۹۵-)، و شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (۰/۹۳-) بیشترین ضرایب را به خودشان اختصاص دادند. بر اساس مطالعات حسام زاده و صفری بر روی سیتوژنتیک گونه-هایی از جنس‌های Onobrychis،Hedysarum و Sophora، صفات مربوط به طول کروموزوم‌ها در مولفه اول و شاخص سانترومری و نسبت بازوها در مولفه دوم از اهمیت بیشتری برخوردار بودند (۱، ۲ و ٤).

تجزیه خوشه‌ای به روش وارد، با برش نمودار خوشه‌ای در فاصله ۲/۵، جمعیت‌های مورد مطالعه را در سه گروه مختلف قرار داد. گروه اول شامل جمعیت‌های کرفس کوهی کاهگان علیا، فریدونشهر، سرآقا سید و دره سپستان بود. در گروه دوم گونه‌های کرفس زراعی و کرفس گره قرار گرفتند. گروه سوم نیز شامل جمعیت کرفس کوهی کوهرنگ بود (شکل۳).

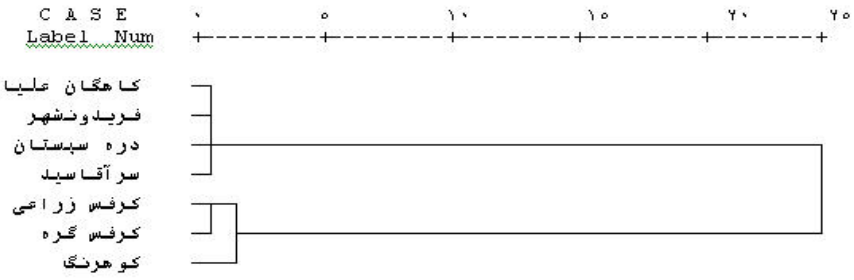
بر اساس نمودار خوشه‌ای، ژنوتیپ‌هایی که در دورترین گروه‌ها قرار گرفته‌اند دارای بیشترین ناهمگنی ابعاد و ساختار کروموزومی هستند. ژنوتیپ‌های گروه دوم دارای بیشترین تغییرات درون کروموزومی و کمترین میزان TF% نسبت به دو گروه دیگر بودند. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای بیشترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های کاهگان علیا و کرفس زراعی وجود داشت که نشانگر کمترین قرابت آنها می‌باشد. همچنین کمترین فاصله ژنتیکی بین دو ژنوتیپ کاهگان علیا و فریدونشهر مشاهده شده است. بنابراین استنباط می‌شود که بیشترین رابطه خویشاوندی را دارند. نمودار حاصل از پراکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس دو مولفه اصلی اول و دوم، آنها را در ۳ گروه متمایز، منطبق با نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای، قرار داد (شکل٤).



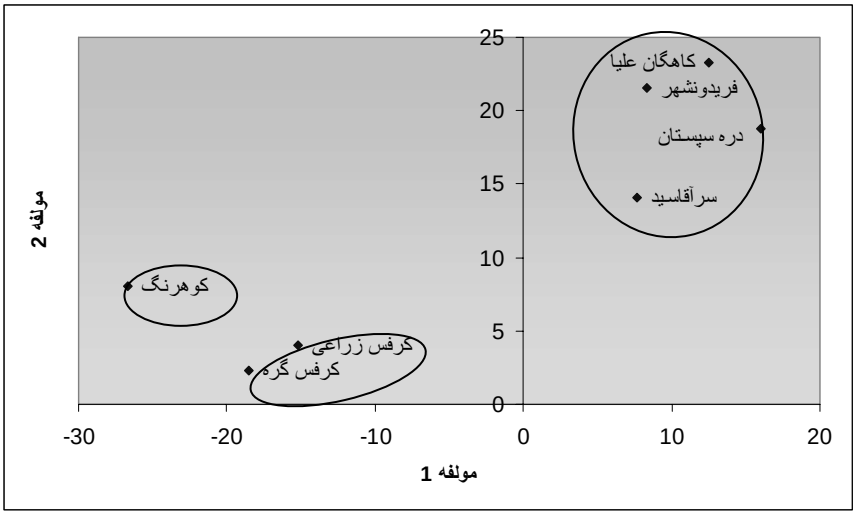
[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]

شکل۳- نمایش از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به روش وارد (Ward) و بر اساس ویژگی‌های کاریوتیپی




شکل٤- نمای حاصل از پراکنش ژنوتیپ‌ها بر اساس دو مولفه اصلی اول و دوم

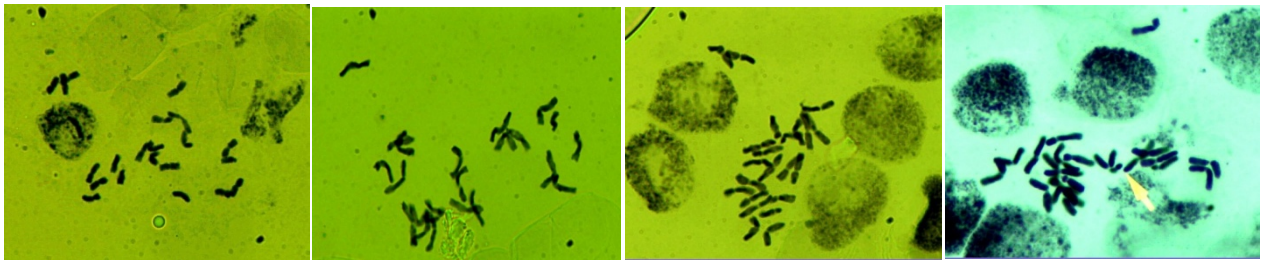



از آنجا که توده‌های کرفس زراعی، کرفس کوهی و کرفس گره دارای سطوح پلوییدی یکسان می‌باشند و از نظر ژنتیکی رابطه نزدیکی با یکدیگر دارند و تکیه بر تفاوت‌های ظاهری نمی‌تواند منجر به طبقه‌بندی گیاهان در یک جنس جدید شود، لذا این احتمال وجود دارد که طبقه‌بندی این سه گیاه در سه جنس مجزا چندان مناسب نباشد. در بررسی‌های مرفولوژیکی کروموزوم‌های متافازی و تهیه کاریوتیپ کرفس کوهی یک جفت کروموزوم بسیار کوچک به عنوان نشانگر سیتولوژیکی در همه جمعیت‌ها به جز از جمعیت متعلق به کوهرنگ شناسایی گردید (شکل ۵ و ۶). از سوی دیگر جمعیت کرفس کوهی متعلق به کوهرنگ، از نظر بیشتر صفات کروموزومی با سایر جمعیت‌های کرفس کوهی تفاوت‌های چشمگیری نشان داد و نیز بر اساس تقارن کاریوتیپی به روش استبینز (۱۶)، این جمعیت به همراه کرفس زراعی و کرفس گره در یک گروه قرار گرفت و همچنین در بررسی پراکنش جمعیت‌های کرفس بر اساس مولفه‌های اصلی جمعیت کوهرنگ در فاصله نسبتاً دوری از گروه کرفس کوهی قرار گرفته است، لذا این احتمال وجود دارد که این توده متعلق به گونه کرفس کوهی نبوده و یا از یک منطقه جغرافیایی دیگر جمع‌آوری شده باشد. همانگونه که در تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌ها مشخص شد جمعیت‌های کرفس کوهی متعلق به منطقه فریدونشهر اصفهان در یک گروه قرار گرفتند و به دلیل اینکه جمعیت کوهرنگ تفاوت‌های قابل توجهی با سایر جمعیت‌ها نشان داد، شاید بتوان دلیل قرار گرفتن جمعیت سرآقا سید را که از ارتفاعات کوهرنگ جمع آوری شده و متعلق به استان چهارمحال و بختیاری است در گروه جمعیت‌های متعلق به اصفهان توجیه نمود. به عبارت دیگر در صورتی که تعداد جمعیت‌های مورد بررسی از استان چهارمحال و بختیاری به تعداد کافی وجود داشت احتمال تفکیک جمعیت‌های متعلق به مناطق جغرافیایی مختلف بسیار زیاد بود.



[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

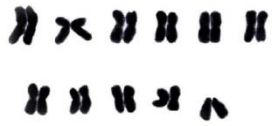
[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]



فریدونشهر (۲n=۲۲) کوهرنگ (۲n=۲۲) کرفس گره (۲n=۲۲) کرفس زراعی (۲n=۲۲)

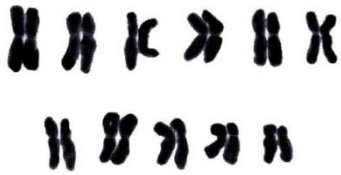
شکل۵- تصاویر متافاز میتوزی تعدادی از جمعیت های کرفس مورد مطالعه

فریدونشهر (۲n=۲۲)



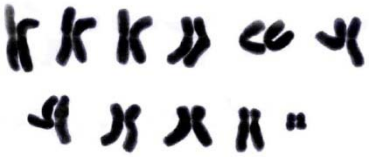
کرفس زراعی (۲n=۲۲)

دره سپستان (۲n=۲۲)



کوهرنگ (۲n=۲۲)

کرفس گره (۲n=۲۲)



کاهگان علیا (۲n=۲۲)

سرآقاسید (۲n=۲۲)

شکل٦- کاریوگرام کروموزوم‌های میتوزی جمعیت‌های کرفس مورد مطالعه



[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]

## منابع


۱. حسام زاده حجازی س م، و ضیایی م (۱۳۸۶) مطالعه سیتوژنتیکی برخی گونه های جنس Hedysarum موجود در بانک ژن منابع طبیعی، مجله تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران ج ۱۵، ش ۲ : ۹۴-۸۵

۲. حسام زاده حجازی س م، و ضیایی م (۱۳۸۷) بررسی سیتوژنتیکی برخی از جمعیتهای گونه های دیپلویید جنس Onobrychis موجود در بانک ژن منابع طبیعی ایران ، مجله تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران ج ۱۶، ش ۲ : ۱۷۱-۱۵۸

۳. دادخواه تهرانی ز(۱۳۷۸) بررسی فیتوشیمیایی گیاه کرفس کوهی، پایان نامه دکتری داروسازی دانشگاه اصفهان.

۴. صفری ه، حسام زاده حجازی س م، جلیلیان ن، و ضیایی م (۱۳۸۷) بررسی تنوع کاریوتیپی در سه گونه از جنس تلخ بیان (Sophora sp.)، مجله تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران ج ۱۶، ش ۱ : ۳۶-۲۷

۵. قهرمان ا (۱۳۶۷) فلور ایران، جلد دهم، انتشارات موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع.

6. Agayev Y M, (1996) Advanced squash methods for investigation of plant chromosomes, Proc. 4th Iranian Cong. Crop Production and Breeding Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.1-20 pp.

7. Anuradha H (1977) Study of the structure and behavior of chromosomes of different varieties of *Apium graveolens* (celery ),. Cytologia 42: 21-28.

8. Browers E A and Orton T J (1986) Celery Crops, In Biotechnology In Agriculture and Forestry, Vol. 2, Y. P. Banjai, (ed) Springer, Verlag, Berlin.

9. Hore A and Sharma A K (1976) Structure and behavior of chromosomes in the evolution of certain taxa of Umbelliferae : 1 Tribe Ammineae, Recent advances in plant sciences, Session 9, Cytology and Cytochemistry, 73-74.

10. Levan A, Fredga K and Sandberg A.A (1964) Nomenclature for centromeric position on chromosomes, Hereditas 52: 201-220.

11. Mozaffarian V (2003) Two new genera of Iranian Umbelliferae, Bot. Zhurn, 88: 88-94.

12. Murata M and Orton T J (1984) G-band like differentiation in meiotic prometaphase chromosomes of celery. J. Hered. 75: 225-228.

13. Paul R, Datta A K (2003) Chromosomal studies in four seed species of Umbelliferae, Indian J. Genet. Plant Breed. 63: 361-362.

14. Romerozarco C (1986) A new method for estimating karyotype asymmetry, Taxon 35: 526-530.

15. Seetharaman N Dhanavel D and Pavadai P (2004) Unique features of growth in some members of Apiaceae, Plant Archives 4: 443-446.

16. Stebbins G. L (1971) Chromosomal Evolution in Higher Plants, Edward Arnold (London) 216pp.




[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]

[ Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-06-13 ]

[ DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.3.4.9 ]