

بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های اسپرس (*Onbrychis sativa*) با استفاده از نشانگرهای

سیتوژنتیکی و زراعی

محسن فرشادفر^{۱*}، هومن شیروانی^۱ و زهرا بقایی فر^۲

^۱ ایران، تهران، دانشگاه پیام نور، گروه کشاورزی

^۲ ایران، تهران، دانشگاه پیام نور، گروه زیست‌شناسی

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۱۱/۰۱ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۶/۱۸

چکیده

تنوع ژنتیکی ۱۳ ژنوتیپ مختلف اسپرس زراعی (*Onbrychis sativa*) با استفاده از خصوصیات سیتوژنتیکی و مورفولوژیکی مورد ارزیابی قرار گرفت. در بررسی سیتوژنتیکی، با توجه به جدول تجزیه واریانس اختلاف معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات کاربوتیپی مشاهده گردید. به منظور تعیین میزان تقارن کاربوتیپی ژنوتیپ‌ها، آماره‌های ضریب تغییرات (CV) و درصد کل فرم (T.F%) محاسبه شدند. نتایج نشان داد که ژنوتیپ البرز-۱۸ دارای متقارن‌ترین کاربوتیپ و ژنوتیپ بناب-۲۰۲۴۷ دارای نامتقارن‌ترین کاربوتیپ می‌باشد. با استفاده از اطلاعات کاربوتیپی تجزیه کلاستر انجام شد که در نتیجه ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند. در بررسی مزرعه‌ای، صفات مورفولوژیکی مانند ارتفاع، تعداد ساقه اصلی، تعداد ساقه فرعی، وزن تر و خشک، زمان گلدهی اندازه‌گیری شد. آزمایش بصورت اسپلیت پلات در زمان در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه چین و دو تکرار انجام شد. نتایج جدول تجزیه واریانس نشان داد اختلاف معنی‌داری برای اثرات متقابل چین و ژنوتیپ تنها در صفت تعداد ساقه فرعی وجود دارد. تجزیه کلاستر برای صفات زراعی نشان داد که ژنوتیپ‌ها در سه گروه قرار گرفتند. نتایج نشان داد ژنوتیپ بیجار-۶۲۴ بر اساس صفات مورفولوژیکی خصوصاً عملکرد و پارامترهای سیتوژنتیکی با سایر ژنوتیپ‌ها بیشترین فاصله ژنتیکی را داشت، که می‌توان از این ژنوتیپ در آزمایشات تلاقی پروژه‌های اصلاحی برای انتقال صفات مؤثر استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، اسپرس، نشانگر، کاربوتیپ

* نویسنده مسئول، تلفن: ۰۹۱۸۳۳۱۳۲۲۱، پست الکترونیکی: m.farshadfar@pnu.ac.ir

مقدمه

رویش دارد، در مراتع طبیعی به چشم می‌خورد و در هر منطقه از کشور، به نام و رقم معینی کشت و کار می‌گردد. بعلت پروتئین زیاد و خوش‌خوراکی، شاید از مهم‌ترین و بهترین علوفه‌ها باشد هدف اصلی از به‌نژادی اسپرس بدست آوردن رقمی است که عملکرد علوفه سبز و علوفه خشک آن بالا و همچنین میزان زیادتری پروتئین داشته باشد (۷). لذا جهت مطالعات ژنتیکی و اصلاح ارقام مناسب‌تر و عملکرد بالاتر و سازگارتر ابتدا باید میزان تنوع ژنتیکی بین و درون گونه‌های جنس اسپرس تعیین و سپس

زراعت مرتعی علاوه بر تهیه غذا برای دام، به تجدید مواد آلی خاک، جلوگیری از فرسایش خاک، اصلاح قابلیت خاک ورزی و بازگرداندن حاصلخیزی خاک، کمک می‌کند. ریشه گراس‌ها، که بطور عمیق در لایه‌های خاک توسعه می‌یابند، نقش مهمی در افزایش میزان نفوذ پذیری خاک دارند. افزایش عملکرد علوفه خشک همراه با بهبود کیفیت غذایی گیاهان علوفه‌ای، تاثیر قابل ملاحظه‌ای در افزایش فرآورده‌های دامی دارد (۵). اسپرس از جمله نباتات علوفه‌ای بومی ایران است که در شرایط متنوع آب و هوایی

ذخیره شدند، همچنین نوع کروموزومها (K.F) بر اساس روش Levan تعیین گردید (۸).

بررسی مورفولوژیک: محل اجرای بررسی‌های زراعی، مزرعه مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه واقع در ایستگاه تحقیقاتی مهرگان با طول جغرافیایی ۵۹°، ۴۶° و عرض جغرافیایی ۰۸°، ۳۴°، ۲۰ کیلومتر جاده کرمانشاه - سنندج، با خاک لوم (بافت متوسط)، ارتفاع از سطح دریا ۱۲۶۰ متر و میانگین بارندگی سالانه ۴۰۰ میلیمتر و متوسط دما ۲۰ درجه سانتی‌گراد بود. بر اساس مطالعات انجام شده کرمانشاه دارای اقلیم نیمه خشک سرد تا معتدل است. بیشترین میزان بارندگی، براساس آمار هواشناسی ۲۰ ساله در اسفند ماه و کمترین تغییرات بارندگی در فروردین ماه بوده است. این آزمایش بصورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی در دو تکرار اجرا گردید. هر تکرار دارای ۱۳ پلات آزمایشی و هر پلات شامل ۱۸ بوته گیاه بود. طول هر پلات شش متر، فاصله خطوط از یکدیگر ۷۵ سانتی‌متر و فاصله بوته‌ها بر روی ردیف‌ها از یکدیگر ۳۰ سانتی‌متر در نظر گرفته شد. همچنین بعث برداشت سه چین در سال از طرح اسپلیت پلات در زمان بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی استفاده گردید. آبیاری نیز در هفته یک بار صورت گرفت. مبارزه با علف‌های هرز بصورت مکانیکی انجام شد، یادداشت برداری بر روی شش بوته که به طور تصادفی از هر کرت انتخاب شده بود انجام گرفت و برای هر کرت ثبت گردید. صفات مورفولوژیک شامل، ارتفاع بوته، زمان گلدهی، تعداد شاخه اصلی، تعداد شاخه فرعی، عملکرد وزن تر بوته و عملکرد وزن خشک بوته برای هر ژنوتیپ اندازه‌گیری شد. با استفاده از نرم افزارهای Minitab و MSTATC تجزیه واریانس، آزمون چند دامنه‌ای دانکن در سطح ۵٪ و تجزیه کلاستر انجام گردید.

نتایج

اقدام به اصلاح آن نمود (۱۰). ذخایر توارثی هر گونه گیاهی به ویژه اکوتیپ‌ها و جمعیت‌های وحشی آن گونه، اساس تنوع آن گونه به شمار می‌روند که می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی به نژاد گران مورد استفاده قرار گیرند (۱۱). اهداف اصلی این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی و مقایسه ژنوتیپ‌های اسپرس زراعی با استفاده از صفات مورفولوژیک و سیتوژنتیکی می‌باشد.

مواد و روشها

تهیه مواد گیاهی: تعداد ۱۳ ژنوتیپ (البرز-۱۸، گلپایگان-۱۸۱، اصفهان-۱۸۲، همدان-۲۸۱، بیجار-۶۲۴، کاشان-۹۶۲، گرگان-۱۵۸۶، گرگان-۱۶۰۱، البرز-۳۰۰۱، سردشت-۲۰۲۹۷، شهرکرد-۲۰۲۹۱، مروتیه-۲۰۲۹۸، بناب-۲۰۲۴۷) از بانک ژن موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور تهیه گردید.

مطالعات سیتوژنتیکی: در ابتدا بذور داخل پتری‌دیش و روی کاغذ صافی کشت شدند. پس از ۴۸ ساعت ریشه آنها به اندازه مناسب برای نمونه‌گیری رسید و در فواصل زمانی ۱۰ تا ۱۱ صبح بیشترین تعداد سلول‌های متافازی مشاهده گردید. در این زمان پیش تمار با محلول آلفا برومونتالین ۰/۲ درصد (حجمی/حجمی) به مدت ۱/۵ ساعت انجام گرفت. پس از این مرحله ریشه‌ها برای عمل تثبیت مدت ۱۸ ساعت در محلول لویتسکی قرار گرفتند. بعد از هیدرولیز، نمونه‌ها در محلول رنگ هماتوکسیلین به مدت چهار ساعت قرار گرفتند. کروموزوم‌های سه سلول متافازی عکس برداری شده از هر ژنوتیپ در یک فایل جداگانه، مرتب گردید. با استفاده از نرم افزار MicroMeasure و از طریق مشخص کردن ابتدا و انتهای کروموزوم و محل سانترومر آنها، ویژگی‌های کروموزومی نظیر طول بازوی بلند (Long arm(L))، طول بازوی کوتاه (Short arm(S))، طول کل کروموزوم (Total chromosome length(CL))، نسبت بازوها (Arm ratio(AR))، شاخص سانترومری (Centromer index(CI)) محاسبه و در محیط Excel

بررسی‌های سیتوژنتیکی: نتایج مطالعات سیتوژنتیکی نشان داد که تعداد کروموزوم‌های سوماتیک ژنوتیپ‌های مطالعه شده $2n=6x=42$ و $2n=4x=28$ می‌باشد. ژنوتیپ گلپایگان-۱۸۱ میکسوپلوئید ($2n=4x=28, 2n=6x=42$) و بقیه ژنوتیپ‌ها تتراپلوئید $2n=4x=28$ تشخیص داده شدند (شکل ۱). ژنوتیپ‌های بیجار-۶۲۴ و شهرکرد-۲۰۲۹۱ دارای کروموزوم‌های ماهواره‌دار بودند. نتایج کاریوتیپ ژنوتیپ‌های مطالعه شده نشان داد که اکثر کروموزوم‌ها متاساتریک یا ساب متاساتریک می‌باشند. ضریب تغییرات در ژنوتیپ بناب-۲۰۲۴۷ از همه بیشتر ($CV=27/56$) و در ژنوتیپ البرز-۱۸ از همه کمتر بود ($CV=19/68$). که این موضوع نشان می‌دهد ژنوتیپ البرز-۱۸ از نظر طول کروموزوم‌ها نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها یکنواخت‌تر است. اگر به درصد فرم کل این ژنوتیپ نیز توجه کنیم، می‌بینیم که درصد کل فرم آن نیز بالا می‌باشد ($TF=46/1$ %) که بیانگر حالت تقارن کاریوتیپی بالا برای این ژنوتیپ است. همچنین ژنوتیپ البرز-۱۸ دارای بیشترین طول نسبی کوتاهترین کروموزوم ($S\%=52/38$) بود که این موضوع نیز نشان دهنده تقارن بیشتر این ژنوتیپ نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها است. با توجه به کلاس استینز، ژنوتیپ البرز-۱۸ از نظر تکامل کاریوتیپی در درجه پائین‌تری از تکامل قرار گرفت. ژنوتیپ بناب-۲۰۲۴۷ که دارای بیشترین ضریب تغییرات بود دارای کمترین مقدار طول نسبی کوتاهترین کروموزوم ($S\%=41/86$) می‌باشد که نشان دهنده تقارن کمتر این ژنوتیپ نسبت به سایر

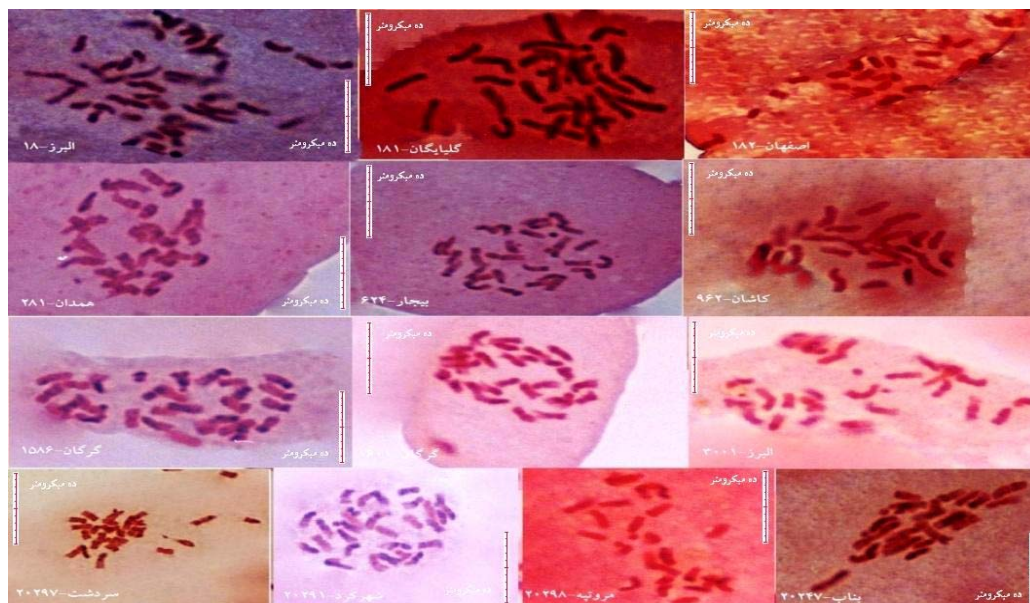
ژنوتیپ‌ها است. از لحاظ اختلاف دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها (DRL) ژنوتیپ البرز-۱۸ دارای کمترین مقدار می‌باشد که بیان کننده تقارن بیشتر کاریوتیپ این ژنوتیپ است ولی بناب-۲۰۲۴۷ دارای بیشترین مقدار اختلاف دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها ($DRL=6/02$) بود. نتایج تجزیه واریانس بیانگر وجود اختلاف معنی‌دار در سطح یک درصد بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ طول بازوی بلند (L)، طول بازوی کوتاه (S) و طول کل کروموزوم (CL) بود (جدول ۱). با توجه به نتایج، ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر خصوصیات کروموزومی شامل طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه، طول کل کروموزوم، نسبت بازوی بلند به کوتاه و نسبت بازوی کوتاه به بلند بر اساس تجزیه خوشه‌ای در سه گروه قرار گرفتند. بر این اساس گروه اول شامل ۱۰ ژنوتیپ (البرز-۳۰۰۱، سردشت-۲۰۲۹۷، البرز-۱۸، شهرکرد-۲۰۲۹۱، گرگان-۱۵۸۶، گرگان-۱۶۰۱، همدان-۲۸۱، مروتیه-۲۰۲۹۸، کاشان-۹۶۲ و گلپایگان-۱۸۱)، گروه دوم شامل ۲ ژنوتیپ (اصفهان-۱۸۲ و بناب-۲۰۲۴۷) و گروه سوم شامل ۱ ژنوتیپ (بیجار-۶۲۴) بود.

بررسی‌های مورفولوژیکی: ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از لحاظ تمام صفات فنوتیپی مطالعه شده در چین اول، صفات ارتفاع گیاه و زمان گلدهی و تعداد ساقه فرعی در چین دوم، صفات ارتفاع گیاه، تعداد ساقه اصلی، وزن تر بوته و وزن خشک بوته در چین سوم اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد نشان دادند.

جدول ۱- نتایج تجزیه واریانس برای صفات کاریوتیپی در میان ۱۳ ژنوتیپ مطالعه شده اسپرس

S.O.V	df	میانگین مربعات		
		طول کل کروموزوم (CL)	طول بازوی بلند (L)	طول بازوی کوتاه (S)
بین ژنوتیپ‌ها	۱۲	۳۶/۸۸۲**	۱۷/۴۴**	۷/۲۳**
خطا	۲۶	۱۲/۶۵۲	۵/۳۳	۱/۱۶
کل	۳۸			

** معنی‌دار در سطح ۱٪



شکل ۱- سلول‌های متافازی ژنوتیپ‌های اسپرس زراعی با بزرگنمایی ۲۷۷۵

معنی‌دار بود. از نظر وزن خشک بوته، ژنوتیپ بیجار-۶۲۴ در چین اول و ژنوتیپ بیجار-۶۲۴ و البرز-۳۰۰۱ در چین سوم نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتری نشان دادند. همان‌گونه که در این تحقیق مشاهده می‌شود ژنوتیپ‌های بیجار-۶۲۴ و البرز-۳۰۰۱ در چین سوم و ژنوتیپ بیجار-۶۲۴ در چین اول حداکثر میزان وزن خشک را دارا می‌باشند. از طرفی ژنوتیپ‌های بیجار-۶۲۴ و مروتپه-۲۰۲۹۸ در چین اول و ژنوتیپ‌های البرز-۳۰۰۱ و مروتپه-۲۰۲۹۸ در چین سوم در مقایسه با ژنوتیپ‌های دیگر از میانگین وزن تر بیشتری برخوردار بودند. در این مطالعه از تجزیه خوشه‌ای برای گروهبندی ژنوتیپ‌های موجود استفاده گردید و از نظر کلیه صفات مورفولوژیکی مورد بحث، گروهبندی انجام شد. ۱۳ ژنوتیپ مورد بررسی در سه گروه قرار گرفتند. گروه اول شامل ژنوتیپ‌های (البرز-۳۰۰۱، شهرکرد-۲۰۲۹۱، البرز-۱۸، گلپایگان-۱۸۱، اصفهان-۱۸۲، کاشان-۹۶۲، بناب-۲۰۲۴۷)، گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های (همدان-۲۸۱، گرگان-۱۶۰۱، گرگان-۱۵۸۶، سردشت-۲۰۲۹۷) و گروه سوم شامل دو ژنوتیپ (بیجار-۶۲۴ و مروتپه-۲۰۲۹۸) بود.

همچنین برای بررسی اثرات متقابل چین و تیمار از طرح اسپلیت پلات در زمان در قالب طرح بلوک کامل تصادفی بر طبق جدول ۲ استفاده شد که این تجزیه نشان داد که بین چین‌ها برای تمامی صفات اندازه‌گیری شده اختلاف معنی‌دار وجود دارد اما برای ژنوتیپ‌ها اختلاف معنی‌داری مشاهده نگردید همچنین اختلاف معنی‌داری برای اثرات متقابل چین و تیمار در مورد تعداد ساقه فرعی مشاهده شد و برای سایر صفات اختلاف معنی‌داری مشاهده نگردید. مقایسه میانگین‌ها توسط آزمون دانکن در سطح معنی‌دار ۵٪ نشان داد که برای صفت ارتفاع بوته در چین اول و دوم بالاترین مقدار مربوط به ژنوتیپ گلپایگان-۱۸۱ و در چین سوم مربوط به ژنوتیپ بناب-۲۰۲۴۷ بود. بیشترین تعداد ساقه‌های اصلی در چین اول و سوم برای ژنوتیپ مروتپه-۲۰۲۹۸ و بناب-۲۰۲۴۷ بود. از نظر تعداد ساقه فرعی در چین اول و دوم در ژنوتیپ‌های بیجار-۶۲۴ و کاشان-۹۶۲ بیشترین بود. از لحاظ زمان گلدهی ژنوتیپ البرز-۳۰۰۱ در چین اول و ژنوتیپ مروتپه-۲۰۲۹۸ در چین دوم دارای بالاترین میزان در بین ژنوتیپ‌های دیگر بودند. اختلاف ژنوتیپ مروتپه-۲۰۲۹۸ از لحاظ وزن تر بوته در دو چین اول و سوم در سطح احتمال ۵٪ نسبت به دیگر ژنوتیپ‌ها

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس مرکب برای صفات فنوتیپی

S.O.V	df	ارتفاع بوته Hi	تعداد شاخه اصلی MS	تعداد شاخه فرعی SS	عملکرد وزن تر WW	عملکرد وزن خشک DW
تکرار	۱	۲۱/۹۸۴ ^{ns}	۵۱۴/۸۷۴ ^{ns}	۵۴/۲۶۷ ^{ns}	۳۶۷۵۵/۴۶۷ ^{ns}	۷۶۲/۹۶۹ ^{ns}
ژنوتیپ	۱۲	۲۶۸/۱۴۹ ^{ns}	۵۴۷/۳۳۱ ^{ns}	۱۸۲۷/۳۴۶ ^{ns}	۷۹۰۷۶/۸۱۳ ^{ns}	۴۳۹۲/۱۳۴ ^{ns}
خطای a	۱۲	۱۶۵/۲۱۷	۶۸۷/۰۹۲	۱۰۳۹/۹۷۸	۸۲۴۳۶/۵۳۴	۵۰۹۲/۳۹۵
چین	۲	۴۲۸۴۵/۵۱۷ ^{**}	۱۵۰۷۲/۹۶۹ ^{**}	۱۵۴۳۵۹/۰۰۷ ^{**}	۷۱۸۸۷۱۹/۵۶۰ ^{**}	۴۳۹۹۸۶/۵۷۲ ^{**}
چین × ژنوتیپ	۲۴	۵۷/۵۲۲ ^{ns}	۱۳۹/۵۲۹ ^{ns}	۳۴۴۱/۵۹۰ ^{**}	۶۹۸۴۳/۴۶۴ ^{ns}	۳۷۱۲/۱۲۳ ^{ns}
خطای b	۲۶	۷۲/۳۹۸	۱۶۵/۷۲۸	۹۷۱/۵۰۴	۶۱۱۶۳/۱۵۹	۳۲۱۹/۳۶۲
CV%		۱۱/۸۷	۱۲/۵۳	۱۷/۵	۲۱/۵۳	۱۹/۴۹

^{ns} غیر معنی‌دار، * معنی‌دار در سطح ۵٪ و ** معنی‌دار در سطح ۱٪

بحث و نتیجه‌گیری

نتایج حاصل از بررسی‌هایی که توسط Fayyazi (۳) بر روی صفات سیتوژنتیکی ۱۰ ژنوتیپ اسپرس زراعی صورت گرفت نیز نشان دهنده این مطلب بود که بین ژنوتیپ‌های داخل گونه از نظر صفات کاربوتیپی اختلاف معنی‌داری وجود داشت و این ژنوتیپ‌ها بر اساس این صفات به شش گروه تقسیم شدند.

مورفولوژیک: در مطالعات مزرعه‌ای بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از لحاظ صفات فنوتیپی در چین‌ها اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد وجود داشت. نتایج بدست آمده از بررسی تنوع فنوتیپی توسط Fayyazi (۳) بر روی ۱۰ ژنوتیپ اسپرس زراعی، نشان دهنده این مطلب بود که بین ژنوتیپ‌ها برای صفات تاریخ گلدهی، طول شاخه اصلی و تعداد شاخه فرعی تنوع وجود داشت و نیز وزن خشک بیشترین ضریب همبستگی را با ارتفاع گیاه و تعداد شاخه اصلی داشت. با توجه به نتایج می‌توان اینگونه عنوان نمود که اگر افزایش علوفه مدنظر باشد، ژنوتیپ‌های بیجار-۶۲۴ و البرز-۳۰۰۱ دارای عملکرد علوفه‌ای بیشتری هستند که در برنامه‌های به نژادی باید به شاخه‌دهی که عامل تشکیل دهنده عملکرد یا محصول علوفه است توجه خاص مبذول داشت. Hwang و همکاران (۴) تعدادی از نمونه‌های موجود اسپرس را با توجه به صفات متعددی از جمله عملکرد علوفه خشک، مقاومت به سرما مورد مقایسه قرار داده و اختلاف معنی‌داری در بین نمونه‌ها مشاهده کردند. در این مطالعه از تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی

سیتوژنتیک: جدول تجزیه واریانس بیانگر وجود اختلاف معنی‌دار در سطح یک درصد بین ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات کروموزومی بود. نتایج بدست آمده از تحقیقات Ansari و همکاران (۱) بر روی گونه‌های مختلف اسپرس زراعی نیز تنوع کاربوتیپی گسترده‌ای را برای صفاتی نظیر طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه و درصد فرم کل نشان داد. همچنین این نتایج مؤید این مطلب بود که اکثر کروموزوم‌ها متاساتریک و تعداد کمی ساب متاساتریک هستند. بطور کلی، ژنوتیپ‌های بررسی شده کاربوتیپ متقارن داشته و در کلاس‌های ابتدایی جدول استینز قرار گرفتند. Mesicek and Sojak (۹) تعداد کروموزوم‌های چندین جنس اسپرس از جمله سیبریکا (sibirica) را مورد مطالعه قرار دادند و عدد پایه کروموزومی را $X=7$ گزارش نمود. همچنین Khatoun and Ali (۶) با مطالعات کروموزومی گسترده‌ای که بر روی لگوم‌ها انجام دادند به همان تعداد کروموزوم‌های ژنومی در لوکسی فلور (loxiflora) رسیدند. با توجه به نتایج، ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر خصوصیات کروموزومی بر اساس تجزیه خوشه‌ای در سه گروه قرار گرفتند. با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای می‌توان اینگونه تفسیر نمود که قرار گرفتن ژنوتیپ‌ها در یک گروه می‌تواند نشانه‌ای از قرابت ژنتیکی و سیتوژنتیکی ژنوتیپ‌ها با یکدیگر باشد.

ژنوتیپ‌ها، در هر دو مورد، بیشترین فاصله ژنتیکی را داراست و این ژنوتیپ از نظر صفات مورد بحث با سایر ژنوتیپ‌ها تفاوت زیادی داشته و قرابت ژنتیکی کمتری با سایر ژنوتیپ‌ها دارد. بنابراین در آزمایشات تلاقی پروژه-های اصلاحی می‌توان از آن استفاده کرد. ژنوتیپ‌های شماره البرز-۳۰۰۱ و بیجار-۶۲۴ بیشترین عملکرد را در چین‌های مختلف به خود اختصاص دادند بنابراین جهت بهبود عملکرد و همچنین برای انتقال صفات مؤثر در افزایش عملکرد می‌توان از این ژنوتیپ‌ها بعنوان والد در تلاقی استفاده کرد.

سپاسگزاری

این پژوهش با حمایت مالی دانشگاه پیام نور انجام شده است. که از این بابت از مسئولان مربوطه تشکر و قدردانی می‌شود. در ضمن کلیه حقوق مادی و معنوی آن متعلق به دانشگاه پیام نور می‌باشد.

ژنوتیپ‌های موجود استفاده گردید و از نظر کلیه صفات مورفولوژیکی مورد بحث، گروه‌بندی انجام شد. ۱۳ ژنوتیپ مورد بررسی در سه گروه قرار گرفتند. در اینجا بیشترین فاصله مربوط به کلاسترهای یک و سه بود که تلاقی ژنوتیپ‌های موجود در این دو گروه، بعنوان والدین می‌تواند جهت موفقیت در برنامه‌های اصلاحی بکار رود.

طبق بررسی‌های انجام شده، تنوع ژنتیکی خوبی بین ژنوتیپ‌های اسپرس مورد مطالعه وجود داشت و از آنجا که این ژنوتیپ نماینده ژنوتیپ‌های اسپرس موجود در بانک ژن می‌باشند، لذا در بین کل ژنوتیپ موجود در بانک ژن نیز تنوع قابل ملاحظه‌ای وجود دارد. بنابراین، این مطلب را که، در اکثر مطالعات مربوط به ارزشیابی تنوع درون گونه‌ای، تنوعی اندک بین جمعیت‌ها یافته‌اند و یا گاهی هیچگونه تنوعی وجود نداشته است، نمی‌توان به عنوان یک پیش فرض برای هر گونه در نظر گرفت. از مقایسات نتایج صفات مورفولوژیکی و کاربوتیپی می‌توان به این نتیجه رسید که ژنوتیپ بیجار-۶۲۴ نسبت به سایر

منابع

- 1- Ansari F, Ahmadian P, Nasirzadeh A, Hatami A (2002) New chromosome counts of karyotype study of for *Onobrychis* species from Iran. *Iran. Journ. Bot.* 9(2): 181-185.
- 2- Farshadfar A (2010) New issues in biomedicine genetics. Islamic Azad University, Kermanshah Branch. 534 pages.
- 3- Fayyazi M (1997) Investigation of genetic and cytogenetic diversity in sainfoin populations in Gene Bank of Iran. Graduate Thesis, Islamic Azad University of Karaj Branch.
- 4- Hwang S F, Berg B P, Haward R J, Androw D W (1992) Screening of sainfoin cultivars and lines for yield winter hardiness and resistance to Fusarium crown and root in East Central Alberta. *Canadian Plant Disease Survey.* 72: 107-111.
- 5- Karimi h (1997) Crops. Tehran University Press.
- 6- Khatoon S, Ali S I (1991) Chromosome numbers in subfamily leguminaceae from Pakistan. *Willdenowia.* 20: (1-2) 159-165.
- 7- Kochaki A (1984) Sainfoin is a good forage crop for low water areas. Jihad Publications, Faculty of Agriculture, University of Mashhad.
- 8- Levan A, Fredga K, Sandberg A (1964) Nomenclature for centromeric position on chromosome. *Hereditas.* 52:201-220.
- 9- Mesicek J, Sojak J (1992) Chromosome numbers of Mongolia angiosperms. I. *Preslia.* 64: 193-206.
- 10- Sandgol A (1997) Introduction to Reproduction of Forage Plants. Institute of Forest and Rangeland Research.
- 11- Yazdi Samadi B, and Abdmishani S (1997) Crop Growing. Academic Publishing Center, Tehran.

Study of genetic diversity of sainfoin genotypes (*Onbrychis sativa*) using cytogenetic and agronomic markers

Farshadfar M.^{*1}, Shirvani H.¹ and Baghaie Far Z.²

¹ Dept. of Agriculture, Payame Noor University, Tehran, I.R. of Iran

² Dept. of Biology, Payame Noor University, Tehran, I.R. of Iran

Abstract

Genetic diversity of 13 different genotypes of sainfoin (*Onbrychis sativa*) was evaluated using cytogenetic and morphological characteristics. In the cytogenetic study, according to the analysis of variance table, there was a significant difference between genotypes based on karyotypic traits. In order to determine the karyotypic symmetry of the genotypes, the statistics of the coefficient of change (CV) and the percentage of the total form (T.F%) were calculated. The results showed that Alborz-18 genotype has the most symmetrical karyotype and Bonab-20247 genotype has the most asymmetric karyotype. Using karyotypic data, cluster analysis was performed, which resulted in the genotypes being divided into three groups. In the field study, morphological traits such as height, number of main stems, number of sub-stems, wet and dry weight, flowering time were measured. The test was performed as a split plot over time in the form of a randomized complete block design with three folds and two replications. The results of the analysis of variance table showed that there was a significant difference between the interaction of china and genotype only in the number of sub-stems. Analysis of clusters for agricultural traits showed that genotypes were divided into three groups. The results showed that the Bijar-6424 genotype had the highest genetic distance based on morphological traits, especially yield and cytogenetic parameters, compared to other genotypes, which can be used in experimental cross-correction experiments to transfer effective traits.

Key words: Genetic variation, Sainfoin, Marker, Karyotype