ارزیابی تنوع ژنتیکی زیره با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره چوچاخ (*Eryngium planum*)

Genetic Evaluation of Cumin and Caraway Using *Eryngium planum* Microsatellite Markers

زهرا آهمند[۱]، لیلا فهمیده[۲*] و بهمن فاضلی نسب[۳*]

تاریخ دریافت: ۹۵/۰۵/۱۰ تاریخ پذیرش: ۹۶/۰۹/۱۸

چکیده

گیاهان دارویی اهمیت خاصی در تأمین بهداشت و سلامتی جوامع از لحاظ درمان و پیشگیری از بیماری‌ها دارند در این میان گیاه دارویی زیره (سیاه و سبز) در جایگاه خاصی قرار گرفته است. تعیین فاصله ژنتیکی بین دو گروه (۱۰ جمعیت) زیره سبز و سیاه براساس نشانگرهای SSR، هدف این تحقیق می‌باشد. در زیره سبز تعداد قطعه از ۲ (Ealp024) تا ۵ (Ealp245 و Ealp741) متغیر با میانگین ۳/۲۵ و در زیره سیاه از ۲ (Ealp017، Ealp741، Ealp1349 و EalpD268) تا ۶ (Ealp1479 و Ealp024) با میانگین ۳/۵ به‌دست آمد. میزان شاخص چندشکلی در زیره سبز از ۰/۴۸ (Ealp024) تا ۰/۸۹ (Ealp017) با میانگین ۰/۶۱ و در زیره سیاه از ۰/۳۲ (Ealp741) تا ۰/۸ (Ealp1479) با میانگین ۰/۶۱ مشاهده گردید. بیش‌ترین میزان تنوع شانن (۰/۲۸) و تنوع نی (۰/۲۰) مربوط به زیره سیاه نیشابور و زیره سیاه جندق و کم‌ترین میزان شاخص تنوع شانن (۰/۰۵۷ و ۰/۰۵۶) و نی (۰/۰۴) مربوط به زیره سبز سبزوار و زیره سبز نیشابور بود. دورترین جمعیت‌ها در بین زیره‌های سبز، زیره سبز سبزوار و زیره سبز گز برخوار و در بین زیره‌های سیاه، زیره سیاه کرمان و زیره سیاه نیشابور بودند. نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی نشان داد که ۸۵ درصد تغییرات ژنتیکی، درون جمعیت‌ها و ۱۵ درصد در بین جمعیت‌ها بود. نشانگرهای SSR که در این تحقیق مورد استفاده قرار گرفت برگرفته از چوچاخ بودند و توانستند در زیره سبز و سیاه نیز تکثیر شوند که می‌تواند دلیلی بر روند تکاملی و مناطق حفاظت شده مشترک بین زیره و چوچاخ باشد.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، زیره سبز، زیره سیاه، SSR

۱ و ۲. به‌ترتیب دانشجوی کارشناسی‌ارشد و استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل

۳. مربی پژوهشی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، پژوهشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل

*: نویسنده مسوول Email: l.fahmideh@uoz.ac.ir, Bfazeli@uoz.ac.ir

مقدمه

ایران به دلیل داشتن تنوع بالای شرایط زیستگاهی برای انواع گیاهان یکی از غنی‌ترین منابع گیاهان دارویی جهان به شمار می‌رود *حقیرالسادات* و همکاران؛ *عظیم‌زاده* و همکاران (Haghir-alsadat *et al*., 2010; Azimzadeh *et al*., 2014). باتوجه به نیاز جامعه به داروهای شیمیایی از طرفی و گیاهان دارویی به‌عنوان ماده اولیه تولید دارو از طرف دیگر، ضرورت مطالعه و تحقیق بر روی این دسته از گیاهان بیش از پیش اهمیت یافته و چون از لحاظ فناوری استفاده صحیح و بهینه از آن‌ها بسیار کم هزینه و ساده‌تر از صنایع دارویی شیمیایی است، می‌تواند ضمن تأمین بخشی از نیازهای عمده بهداشتی و درمانی جامعه از خروج مقادیر متنابهی ارز جلوگیری نموده و مانع گسترش وابستگی به بیگانگان شود *امیدبیگی* و همکاران (Omidbegi *et al*., 2007).

زیره از مهم‌ترین گیاهان دارویی کشور محسوب می‌شود *کافی* و همکاران (Kafi *et al*., 2002). در نتیجه در این تحقیق جمعیت‌های مختلف گیاه دارویی زیره سیاه و سبز با استفاده از نشانگرهای مولکولی ریزماهواره ((Microsatellite (SSRs) مورد ارزیابی ژنتیکی قرار گرفتند.

زیره سبز (*Cuminum cyminum*)، دیپلوئید (2n=2X=14)؛ *شارما* و *گش* (Sharma and Gosh, 1954)، یک‌ساله، خودگشن؛ *دی* و همکاران (De *et al*., 2003)، از مهم‌ترین اعضای خانواده چتریان و از قدیمی‌ترین‌ها بوده و از نظر اقتصادی مهم‌ترین گونه در این خانواده می‌باشد *رحیمی* و همکاران (Rahimi *et al*., 2015). اسانس زیره سبز شامل ترکیباتی نظیر تانن، رزین، آلورون، سیمن، فلاندون و کارون بوده که ماده اصلی تشکیل‌دهنده‌ی اسانس آلدهیدکومنیک یا کومینول می‌باشد *زرگری* (Zargari, 1987).

زیره سیاه (*Bunium persicum*)، چندساله، علفی، معتدل پسند، بدون کرک، منشعب، دگرگشن از خانواده چتریان (*عظیم زاده* و همکاران، 2014)، عطرمایه زیره‌ی سیاه شامل کومین آلدهید، آلفاپنین و گاماترپنین و بسیاری مواد مؤثر دیگر است که در صنایع دارویی و غذایی کاربرد فراوان دارشته ضمناً تولید عطرمایه در زیره‌ی سیاه بیش از ۳ برابر زیره‌ی سبز می‌باشد *شانکاراچاریا و شانکاراچاریا* (Shankaracharya and Shankaracharya, 1988).

در برنامه‌های اصلاحی و گروه‌بندی ذخایر ژنتیکی، از نشانگرهای مختلف مورفولوژیکی، پروتئینی و DNA استفاده شده است *پراساد* و همکاران؛ *فاضلی‌نسب* و همکاران (Prasad *et al*., 2000; Fazeli-Nasab *et al*., 2010). نشانگرهای مورفولوژیکی و پروتئینی به‌خاطر میزان چندشکلی کمتر نسبت به نشانگرهای DNA، کاربرد کمتری در طبقه‌بندی گیاهی دارند *گوپتا* و همکاران (Gupta *et al*., 2002). درحالی‌که نشانگرهای DNA معمولاً علاوه‌بر نواحی کدکننده، تفاوت‌های بین ردیف‌های غیرکدکننده و توالی‌های حاشیه‌ای ژنوم را نیز آشکار می‌سازند. از طرف دیگر نشانگرهای DNA مبتنی بر واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، تسهیلاتی را در مطالعات پایه‌ای و کاربردی بیولوژی مولکولی فراهم کرده‌اند *پاول* و همکاران (Powell *et al*., 1996).

ریزماهواره‌ها، توالی‌های تکراری ۶-۲ نوکلئوتیدی هستند که در سطح ژنوم یوکاریوت‌ها و عمدتاً در نواحی غیرکدکننده DNA پراکنده‌اند *سنیور و هیون*؛ *هوکانسون* و همکاران (Senior and Heun, 1993; Hokanson *et al*., 1998). این جایگاه‌ها از تنوع قطعه‌ی بسیار بالا برخوردار هستند و دارای توارث مندلی هم بارز می‌باشند *پاول* و همکاران، 1996؛ *ویو و تانکسلی* (Wu and Tanksley. 1993). هم‌چنین سطح بسیار بالای چندشکلی را در تعداد توالی تکرارشونده دارند *پراساد* و همکاران، 2000؛ *هالتون* (Halton, 2001). نشانگر مولکولی ریزماهواره بر پایه تکثیر قطعه DNA تکرارشونده، با استفاده از نشانگرهای طراحی شده از نواحی احاطه‌کننده توالی‌های تکراری می‌باشد (*هالتون*، 2001) و نتایج مربوط به آن در آزمایشگاه‌های مختلف قابل تکرار است *هالتون*، 2001؛ *فاضلی-نسب* و همکاران (Fazeli-Nasab *et al*., 2006).

ریزماهواره‌ها اولین بار در جلبک، *تاوتز* و *رنز* (Tautz and Renz, 1984) و سویا، *آکایا* و همکاران (Akkaya *et al*., 1992) مورد بررسی قرار گرفتند و بعدها به‌طور گسترده‌ای در برنج، *ویو* و *تانکسلی* (Wu and Tanksley. 1993)، ذرت، *سنیور* و *هیون* (1993)، جو، *سقایی‌معروف* و همکاران (Saghai Maroof *et al*., 1994) و جهت تهیه نقشه در گندم، *رودر* و همکاران؛ *بریان* و همکاران (Roder *et al*., 1995; Bryan *et al*., 1997)، بررسی چندشکلی، *فهیما* و همکاران (Fahima *et al*., 1998)، نقشه‌یابی صفات مهم زراعی، *استاکل* و همکاران (Stachel *et al*., 2000) به‌کار برده شدند.

گزارش‌های اندکی درباره استفاده از نشانگرهای مولکولی در خانواده چتریان خصوصاً زیره وجود دارد مثلاً استفاده از نشانگر ITS در زیره سیاه، *عظیم‌زاده* و همکاران (2014)، SSRs در چوچاخ، *گادئول* و همکاران (Gaudeul *et al*., 2002)، ISSR در کرفس، *نان‌فیو* و همکاران (Nan fu *et al*., 2014)، ISSR در زیره سبز، *رحیمی* و همکاران (2015)، AFLP در زیره سیاه، *جهانسوز* و همکاران (Jahansooz *et al*., 2008)، مورفولوژیکی در زیره سبز، *کریمی افشار* و همکاران (Karimi-Afshar *et al*., 2014) و نشانگرهای مورفولوژیک و RAPD در زیره سیاه،

مجید و *شارما*؛ *دهقان‌کوهستانی* و همکاران؛ *هاشمی* و همکاران؛ *سلامتی* و *زینالی* (Majeed and Sharma, 2006; Dehghan-kohestani *et al*., 2008; Pejmanmehr *et al*., 2009; Hashemi *et al*., 2010; Salamati and Zeinali, 2013) گزارش شده است.

چون زیره سیاه همان زیره ایرانی است و تاکنون مورد اصلاح قرار نگرفته و واریته و رقمی از آن منتشر نشده و تنها به‌صورت وحشی و خودرو در رویشگاه‌های طبیعی رشد می‌کند و از طرفی نیز تاکنون مناطق تکراری ژنوم زیره مورد ارزیابی قرار نگرفته لذا مقایسه زیره سبز و زیره سیاه براساس نشانگر ریزماهواره چوچاخ (چوچاخ (*Eryngium* spp.) از تیره چتریان بوده، برگ‌های تازه رسته آن سبزی صحرایی خوراکی و ساقه در آن به‌صورت منشعب بوده که به گل آذین چتری ختم می‌شود) هدف این تحقیق می‌باشد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

تعداد ۱۰ جمعیت گیاه دارویی زیره سبز و زیره سیاه از بانک ژن سازمان جنگل‌ها و مراتع کشور تهیه (جدول ۱) و با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره در آزمایشگاه بیوتکنولوژی و مهندسی ژنتیک پژوهشکده زیست‌فناوری کشاورزی دانشگاه زابل در سال ۱۳۹۴ مورد ارزیابی قرار گرفتند.

جدول ۱: مشخصات جمعیت های زیره سبز و سیاه مورد استفاده

Table 1: Population characteristic of *Cuminum cyminum* and *Carum carvi*

کد نمونه Code	اسم فارسی / اسم علمی Persian name/ Latin name	موقعیت جغرافیایی Geography	محل جمع‌آوری Origin
1	زیره سبز *Cuminum cyminum*	N, 57° 25′ 48″; E, 36° 7′ 12″	سبزه‌وار Sabzvar
2	زیره سبز *Cuminum cyminum*	N, 36° 12′ 0″; E, 58° 48′ 0″	نیشابور Neishabor
3	زیره سبز *Cuminum cyminum*	N, 51° 23′ 24″; E, 32° 22′ 48″	گز بر خوار Gazbarkhoar
4	زیره سبز *Cuminum cyminum*	N, 51° 39′ 0″; E, 32° 37′ 48″	اصفهان Isfahan
5	زیره سبز *Cuminum cyminum*	N, 51° 34′ 48″; E, 33° 58′ 48″	کاشان Kashan
6	زیره سیاه Carum carvi	N, 36° 12′ 0″; E, 58° 48′ 0″	نیشابور Neishabor
7	زیره سیاه Carum carvi	N, 59° 21′ 36″; E, 36° 10′ 48″	مشهد Mashahd
8	زیره سیاه Carum carvi	N, 55° 5′ 31.7″; E, 33° 46′ 12″	خور بیابانک Khorbiabanak
9	زیره سیاه Carum carvi	N, 54° 24′ 56″; E, 24° 2′ 30″	جندق Jandagh
10	زیره سیاه Carum carvi	N, 57° 3′ 36″; E, 30° 17′ 24″	کرمان Kerman

استخراج و تکثیر DNA

استخراج DNA ژنومی از گیاهچه‌های (۱۲ تا ۱۸ روزه) با استفاده از روش *دلاپورتا* و همکاران (Dellaporta *et al*., 1993) به‌صورت تک‌بوته و از هر جمعیت سه بوته به‌صورت جداگانه، انجام و کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از دو روش الکتروفورز ژل آگارز و اسپکتروفتومتری مورد بررسی قرار گرفت. با توجه به این‌که تاکنون هیچ نوع ریزماهواره‌ای در زیره گزارش نشده بود لذا از تعداد ۱۲ نشانگر که توسط *گادئول* و همکاران (2002) در گیاه چوچاخ گزارش شده بود برای این تحقیق انتخاب شد (جدول ۲). واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز طبق دستورالعمل *رودر* و همکاران (1995) صورت گرفت. سپس تکثیر قطعات در PCR انجام شد و محصول حاصل از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز با استفاده از الکتروفورز ژل آگارز ۲/۵ درصد آشکارسازی شد. رنگ‌آمیزی ژل‌ها با اتیدیوم بروماید (میکروگرم در میکرولیتر) صورت گرفت. سپس از دستگاه ترانس ایلومیناتور جهت نمایان شدن قطعه‌ها استفاده شد.

جدول ۲: نام نشانگر، توالی، موتیف و دمای اتصال آغازگرهای SSR

Table 2: Name, primer sequence, Motif and Tm of SSRs primer

دمای اتصال (سانتی‌گراد) Anneling temperature (ºC)	توالی ریزماهواره هدف Motif	توالی آغازگر (رفت) Forward	توالی آغازگر (برگشت) Backward	نام آغازگر Primer name
50	(CT)8	CACTCCCTCATTTTCA	CTACCACTTCTCCACT	Ealp024
45	(CT)9	CAAAGTCAAACGAAAAGG	CAAAACGGGGAACATCA	Ealp040
55	(CA)2AA(CA)6	CTGAGTTCCATTCTTTTT	AGGTGGTTGAGGGTTT	Ealp245
50	(CT)7	TACACTCCCTCTATCATTC	ACGGCTTCTCTTCCTGCT	Ealp741
55	(CT)7	TCGTGCCAGTTGTTGTTC	CAGTAGAGGTAATGCCAGT	Ealp1340
55	(CT)6	GCTCTCGGCTGTCTTATCTT	CCGTTATTAGTCGCCTGAGT	Ealp017
50	(CT)7	TCAACAGTAACCGACGACAA	CGAGGACCCAACCCGAG	Ealp1349
50	(CT)3TT(CT)	CTCCAACTTCGCAAAATCA	GTATAAACCGCTAAACCCT	Ealp035
50	(CA)10	AGCGGTATGAACAAGATGA	TATATTAGTTGGTTAGGAGA	EalpD268
50	(TC)4TA(TC)5(TA)8(TG)5	AAAACTGGAACCGCCCCT	TCTACCCACACATACATCATA	Ealp1493
50	(CT)3TT(CT)7TT(CT)4	AGGAGAGAGAAAGTTATGG	GAGAAGGAAGTGAAAAAGG	EalpD333
55	(CT)6(CT)4	TTTTCTCTGGCGTGCTGCT	ACTTCAACCTGTGCGTATGT	Ealp1479

تجزیه و تحلیل داده‌ها

برای تجزیه و تحلیل اطلاعات DNA، ابتدا ماتریس داده براساس امتیازدهی قطعه‌ها به‌صورت اندازه طول قطعه تشکیل، سپس جهت تجزیه و تحلیل راحت‌تر با نرم‌افزارهای مختلف ازجمله NTsys، ماتریس داده را به ماتریس صفر و یک تبدیل و نهایت ماتریس تشابه با استفاده از روش *نی* و *لی* (1979) محاسبه گردید. صفاتی همچون تعداد قطعه چندشکل (PB= Ploymorphic Bands)، تعداد قطعه موثر (Ne= Effective number of alleles)، شاخص چندشکلی (DI= Diversity Index)، شاخص شانن (I= Shannon's Information index)، شاخص نی (h= Nei's gene diversity) و ارتباط بین تعداد قطعه تکثیر شده توسط نشانگر SSR با شاخص چندشکلی اندازه‌گیری شد. شاخص چندشکلی که میزان آن بین صفر تا یک است *آگراما* و *توینسترا* (Agrama and Tuinstra, 2003) با استفاده از فرمول $DI = 1 - \sum_{i=1}^{n} p_j^2$ (Pj فراوانی قطعه jام در تمام ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی) محاسبه شد *بوتستاین* و همکاران (Botstein *et al*., 1980). ضمناً شاخص تنوع شانن *لونتین* (Lewontin, 1972)، شاخص تنوع نی (Nei, 1973) و تنوع بین و درون جمعیتی با استفاده از نرم‌افزار POPGENE 1.32 محاسبه شد.

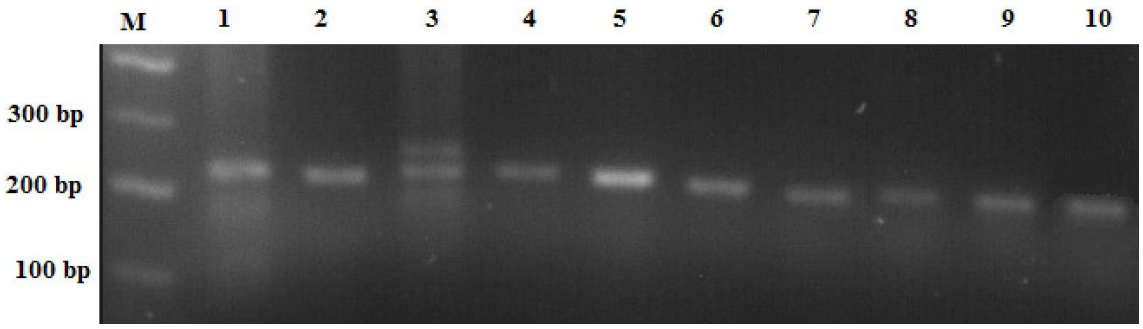
تجزیه خوشه‌ای براساس الگوریتم UPGMA مبتنی بر ماتریس تشابه *نی* و *لی* (Nei and Li, 1972) انجام و هم‌چنین ضریب کوفنتیک توسط آزمون مانتل با استفاده از نرم‌افزار NTSYS-pc v. 2.1 (Rohlf, 2002) به‌دست آمد.

نتایج

چندشکلی

تمام نشانگرهای ریزماهواره مورد استفاده در این تحقیق در تمام زیره‌های سیاه و سبز تکثیر و چندشکلی مناسب نشان دادند (شکل ۱). در زیره سبز در مجموع ۳۹ قطعه تکثیر شد که نشانگر Ealp024 با ۲ قطعه کم‌ترین تعداد و نشانگرهای Ealp245 و Ealp741 با ۵ قطعه بیش‌ترین تعداد را در میان قطعه‌های تولیدی توسط هر نشانگر داشتند. میانگین تعداد قطعه در کل جایگاه‌ها برابر ۳/۲۵ بود. ضمناً در زیره سیاه در مجموع ۴۲ قطعه تکثیر که نشانگرهای Ealp017، Ealp741، Ealp1349 و EalpD268 با ۲ قطعه کم‌ترین تعداد و نشانگرهای Ealp1479 و Ealp024 با ۶ قطعه بیش‌ترین تعداد را در میان قطعه‌های تولیدی توسط هر نشانگر داشتند. میانگین تعداد قطعه در کل جایگاه‌ها برابر ۳/۵ بود (جدول ۳).

میزان تکثیر نشانگرهای ریزماهواره در جمعیت‌های زیره سبز و سیاه به‌صورت توأم در مجموع ۵۹ قطعه تکثیر کردند که نشانگر Ealp1349 با ۳ قطعه کم‌ترین تعداد و Ealp1479 با ۸ قطعه بیش‌ترین تعداد قطعه را در میان قطعه‌های تولیدی توسط هر نشانگر داشتند. میانگین تعداد قطعه در کل مکان‌ها برابر ۴/۹ بود (جدول ۳).



شکل ۱: الگوی نواری تکثیر شده در نشانگر SSR با استفاده از نشانگر Ealp1340

Fig. 1: SSR markers banding patterns amplified using Ealp1340 primers

شاخص چندشکلی

شاخص چندشکلی برای هر مکان ریزماهواره در تمام جمعیت‌ها بررسی شد (جدول ۳). در زیره سبز بیش‌ترین میزان شاخص چندشکلی (۰/۸۹) مربوط به نشانگر Ealp017 و کم‌ترین مقدار (۰/۴۸) مربوط به نشانگر Ealp024 و میانگین کل ۰/۶۱ به‌دست آمد اما در زیره سیاه بیش‌ترین میزان شاخص چندشکلی (۰/۸) مربوط به نشانگر Ealp1479 و کم‌ترین مقدار (۰/۳۲) مربوط به نشانگر Ealp741 و میانگین کل ۰/۶۱ مشاهده گردید. ضمناً شاخص چندشکلی برای نشانگرهای ریزماهواره به‌صورت توأم در زیره سبز و زیره سیاه محاسبه که بیش‌ترین میزان (۰/۸۵) مربوط به نشانگر Ealp1479 و کم‌ترین میزان (۰/۶۴) مربوط به نشانگر Ealp1349 و با میانگین کل ۰/۷۱ مشاهده گردید (جدول ۳).

در داده‌های ادغام شده از اطلاعات حاصل از دو جمعیت زیره بیش‌ترین تعداد قطعه موثر (۶/۶۶) مربوط به آغازگر ealp1479 و کم‌ترین میزان (۲/۷۷) مربوط به آغازگرهای ealp1349 و ealpD268، بیش‌ترین میزان شاخص تنوع نی (۰/۸۵) مربوط به نشانگرهای ealp1479 و ealpD333 و کم‌ترین میزان (۰/۶۴) مربوط به نشانگرهای ealpD268 و ealp1349 بود (جدول ۳).

بیش‌ترین تعداد قطعه مؤثر (میانگین۱/۴۱) در جمعیت زیره سیاه جندق و زیره سیاه نیشابور و کم‌ترین تعداد (میانگین ۱/۰۸) در زیره سبز سبزوار و زیره سبز نیشابور؛ بیش‌ترین میزان تنوع شانن (۰/۲۸) مربوط به زیره سیاه نیشابور و زیره سیاه جندق و کم‌ترین میزان شاخص تنوع شانن (۰/۰۵۷ و ۰/۰۵۶) مربوط به زیره سبز سبزوار و زیره سبز نیشابور و هم‌چنین بیش‌ترین میزان تنوع شاخص تنوع نی (۰/۲۰) مربوط به زیره‌های سیاه نیشابور و زیره سیاه جندق و کم‌ترین میزان تنوع شاخص نی (۰/۰۴) مربوط به زیره سبز سبزوار و زیره سبز نیشابور بود (جدول ۴).

تعداد قطعه‌های تکثیر شده هر جمعیت

تعداد کل قطعه‌های ریزماهواره تکثیر شده در ۵ جمعیت زیره سبز برابر با ۶۸ بود که جمعیت زیره سبز گز برخوار و زیره سبز کاشان با ۱۵ قطعه بیش‌ترین و زیره سبز سبزوار و زیره سبز نیشابور با ۱۲ قطعه کم‌ترین تعداد قطعه در گیاه در تمام جایگاه‌ها داشتند. به‌عبارت دیگر جمعیت زیره سبز گز برخوار و زیره سبز کاشان با میانگین ۱/۲۵ بیش‌ترین و جمعیت زیره سبز سبزوار و زیره سبز نیشابور با میانگین ۱ کم‌ترین تعداد قطعه در هر جایگاه برای هر گیاه داشتند. هم‌چنین تعداد کل قطعه‌ها در ۵ جمعیت زیره سیاه برابر با ۸۰ بود که جمعیت زیره سیاه جندق با ۱۸ قطعه بیش‌ترین و زیره سیاه کرمان با ۱۴ قطعه کم‌ترین تعداد قطعه در گیاه در تمام جایگاه‌ها داشتند. به‌عبارت دیگر جمعیت زیره سیاه جندق با میانگین ۱/۵ بیش‌ترین و جمعیت زیره سیاه کرمان با میانگین ۱/۱ کم‌ترین تعداد قطعه در هر جایگاه برای هر گیاه داشتند.

تشابه جمعیت‌ها

ضرایب تشابه ژنتیکی براساس روش *نی* و *لی* (1979) محاسبه که بیش‌ترین میزان تشابه (۰/۶۸۹) در زیره سبز مربوط به زیره سبز اصفهان با زیره سبز گز برخوار و کم‌ترین میزان تشابه (۰/۰۷۴) مربوط به جمعیت‌های زیره سبز سبزوار با زیره سبز گزبرخوار با میانگین ۰/۲۹۲ مشاهده و در زیره سیاه بیش‌ترین میزان تشابه (۰/۶) مربوط به نیشابور و زیره سیاه مشهد و کم‌ترین میزان تشابه (۰/۰) مربوط به جمعیت‌های زیره سیاه کرمان و زیره سیاه نیشابور با میانگین ۰/۳۱۱ مشاهده گردید.

نتایج حاصل از تنوع و فاصله ژنتیکی برای انتخاب والدین به‌منظور بهبود ارزش اصلاحی جمعیت‌ها مفید است، به‌طوری‌که تلاقی بین جمعیت‌هایی که از یکدیگر دورترند، می‌تواند دورگ‌هایی تولید کند که احتمالاً پتانسیل بالاتری از والدین خود دارند و در این تحقیق نیز از آنجایی‌که تلاقی جمعیت‌ها و توده‌هایی که از نظر مولکولی دورتر (جداول ۵ و ۶)

می‌باشند می‌تواند ارقامی با تنوع بیشتر را ایجاد نماید، نتایج این پژوهش می‌تواند در جهت برنامه‌ریزی‌های اصلاحی به‌منظور ایجاد ارقام متنوع‌تر برای صفات مختلف مدنظر قرار گیرد.

نتایج حاصل از تجزیه واریانس مولکولی که در آن تغییرات مشاهده شده داخل و بین اجزا جمعیت با استفاده از فاصله‌های ژنتیکی دسته‌بندی می‌شود محاسبه و براساس نتایج این تحقیق ۸۵ درصد تغییرات ژنتیکی یافت شده درون جمعیت‌ها و ۱۵ درصد در بین جمعیت‌ها بود (جدول ۷).

جدول ۳: نشانگرهای ریزماهواره، تعداد قطعه و شاخص چندشکلی (DI)

Table 3: SSRs Primers, the number of allele, Diversity Index (DI)

زیره سبز و زیره سیاه توأم *Carum carvi* and *Cuminum cyminum*				زیره سیاه *Cuminum cyminum*		زیره سبز *Carum carvi*		نشانگر Primer name
شاخص تنوع نی Nei	تعداد قطعه مؤثر Ne	شاخص چندشکلی DI	تعداد قطعات چندشکل PB	شاخص چندشکلی DI	تعداد قطعات چندشکل PB	شاخص چندشکلی DI	تعداد قطعات چندشکل PB	
0.72	3.57	0.72	4	0.48	2	0.89	3	Ealp017
0.68	3.17	0.75	7	0.77	6	0.48	2	Ealp024
0.66	2.94	0.66	4	0.64	3	0.56	3	Ealp035
0.66	2.94	0.66	4	0.56	3	0.5	3	Ealp040
0.75	4.08	0.76	5	0.74	5	0.5	5	Ealp245
0.73	3.7	0.73	6	0.32	2	0.79	5	Ealp741
0.78	4.65	0.72	5	0.66	3	0.58	3	Ealp1340
0.64	2.77	0.64	3	0.48	2	0.64	3	Ealp1349
0.85	6.66	0.85	8	0.80	6	0.62	3	Ealp1479
0.76	4.1	0.71	5	0.64	3	0.62	3	Ealp1493
0.64	2.77	0.64	4	0.48	2	0.56	3	EalpD268
0.85	4	0.75	5	0.76	5	0.76	۵	EalpD333

جدول ۴: ارزیابی تعداد قطعه موثر، شاخص‌های تنوع شانن و نی در زیره سبز

Table 4: Evaluation of Ne, I and h in *Cuminum cyminum* and *Carum carvi*

شاخص تنوع نی Nei	شاخص تنوع شانن I	تعداد آلل مؤثر Ne	کد جمعیت Population code
0.041	0.057	1.08	1
0.04	0.056	1.08	2
0.16	0.23	1.33	3
0.12	0.17	1.25	4
0.16	0.23	1.33	5
0.20	0.28	1.41	6
0.12	0.17	1.25	7
0.16	0.23	1.33	8
0.20	0.28	1.41	9
0.12	0.17	1.25	10

جدول ۵: دورترین جمعیت‌های زیره سبز مورداستفاده براساس ماتریس تشابه به‌دست‌آمده از روش *نی و لی*

Table 5: Farthest used *Carum carvi* genotypes based on the similarity matrix of Nei and Lee method

دورترین جمعیت‌ها The farthest genotypes	نشانگر مورداستفاده The used marker	میزان تشابه Similarity amount
زیره سبز سبزوار- زیره سبز گز برخوار *Carum carvi* of Sabzvar and Gazbarkhoar	ریزماهواره SSR	0.074

جدول ۶: دورترین جمعیت‌های سیاه مورداستفاده براساس ماتریس تشابه به‌دست‌آمده از روش *نی و لی*

Table 6: Farthest used *Cuminum cyminum* genotypes based on the similarity matrix of Nei and Lee method

دورترین جمعیت‌ها The farthest genotypes	نشانگر مورداستفاده The used marker	میزان تشابه Similarity amount
زیره سیاه کرمان- زیره سیاه نیشابور *Cuminum cyminum* of Kerman and Neishabour	ریزماهواره SSR	0.0

جدول ۷: تجزیه واریانس مولکولی جمعیت‌های زیره سبز و سیاه با استفاده از نشانگر SSRs

Table 7: Analysis of molecular variance (AMOVA) related to *Cuminum cyminum* and *Carum carvi* population, using SSRs markers

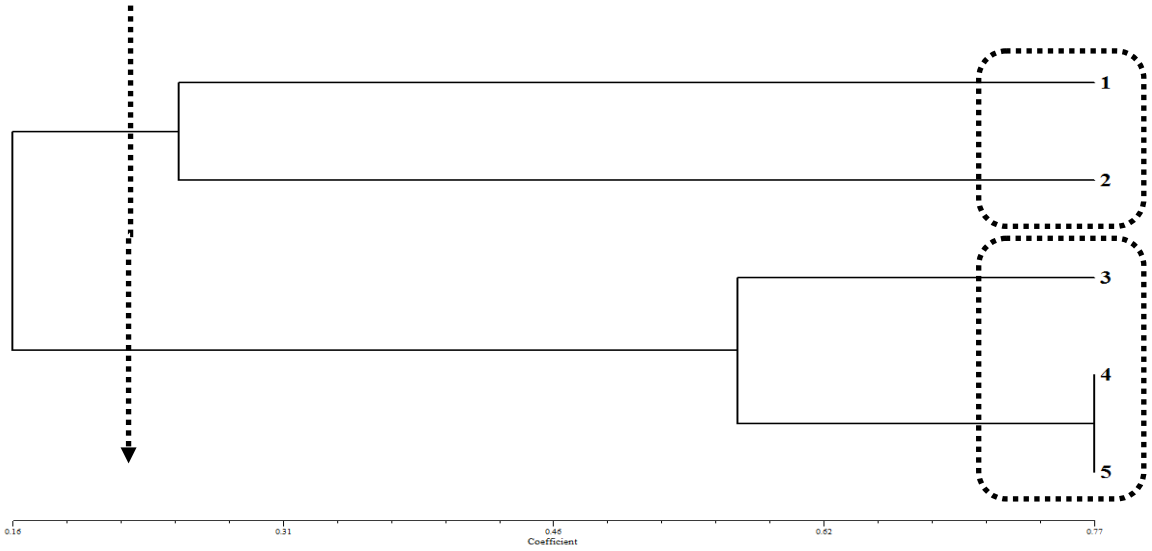
منابع تغییرات Sources of variations	درجه آزادی df	میانگین مربعات MS	درصد واریانس Variance (%)
بین جمعیت Between population	9	14.88**	13
درون جمعیت Within population	20	6.25	87
جمع کل Total sum	29		100

**: تفاوت معنی‌دار در سطح یک درصد

**: Significant at 1% level

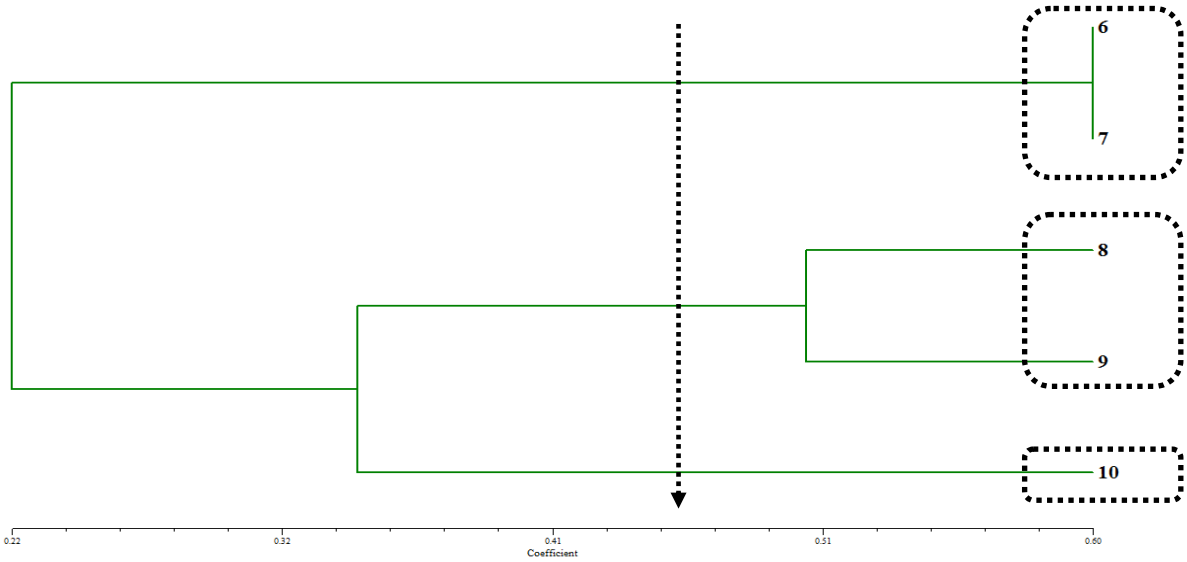
تجزیه خوشه‌ای و خوشه‌بندی جمعیت ها

تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های زیره سبز را به دو گروه مختلف طبقه‌بندی کرد. در ضمن مشاهده شد جمعیت‌ها از لحاظ موقعیت جغرافیایی از همدیگر تفکیک شدند (شکل ۲) و در زیره سیاه نیز جمعیت‌ها در سه گروه مختلف طبقه‌بندی و جمعیت‌هایی که از لحاظ موقعیت جغرافیایی نزدیک به هم قرار داشتند در یک گروه قرار گرفتند (شکل ۳). تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های زیره سیاه و زیره سبز به‌صورت توأم نیز انجام که مشاهده شد جمعیت‌های زیره سبز و زیره سیاه از همدیگر تفکیک شدند و حتی جمعیت‌های که از لحاظ موقعیت جغرافیایی نزدیک هم هستند در این خوشه نیز کنار همدیگر قرار گرفته اند (شکل ۴).



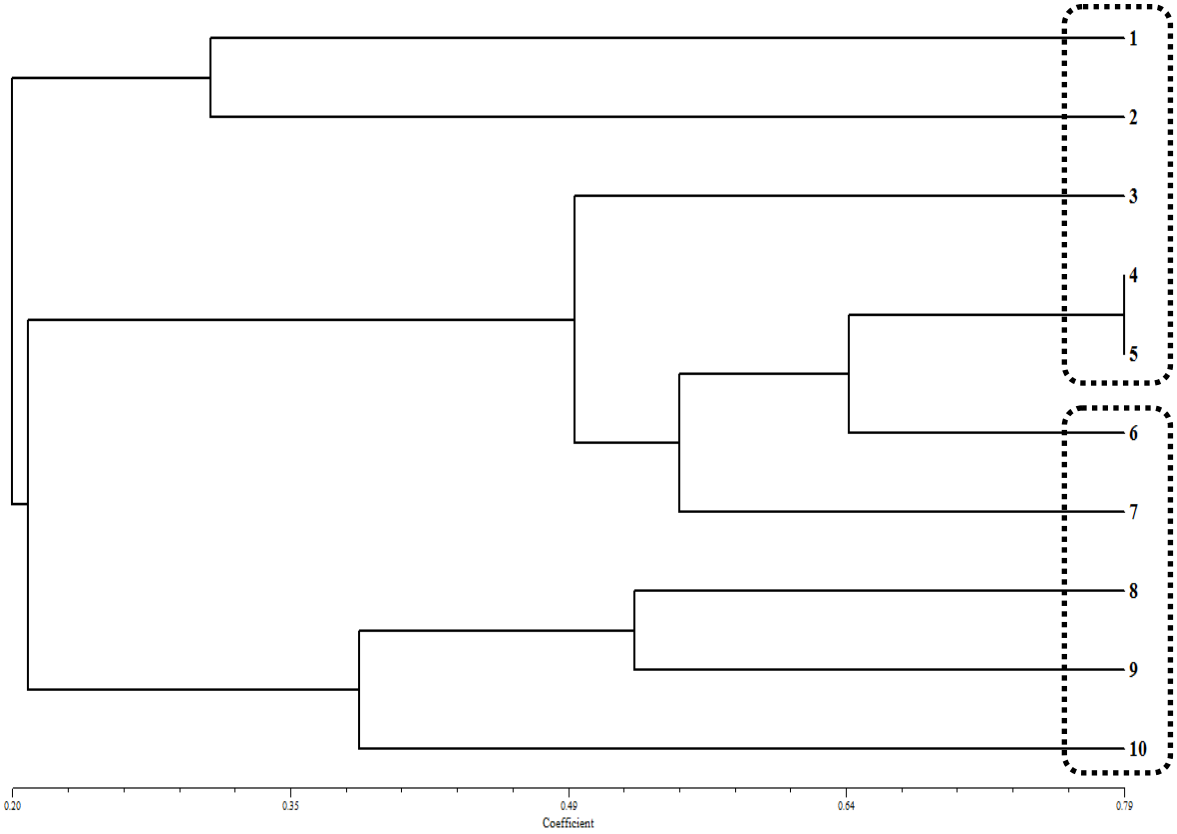
شکل ۲: تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های زیره سبز براساس نشانگر ریزماهواره، ماتریس تشابه *نی و لی* و روش UPGMA با استفاده از نرم‌افزار NTsys

Fig. 2: Clustering of *Carum carvi* genotypes using SSRs based on the similarity matrix of Nei and Lee, UPGMA methods with NTsys software



شکل ۳: تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های زیره سیاه براساس نشانگر ریزماهواره، ماتریس تشابه *نی* و *لی* و روش UPGMA

Fig. 3: Clustering of *Cuminum cyminum* genotypes using SSRs based on the similarity matrix of Nei and Lee, UPGMA methods



شکل ۴: تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های زیره سیاه و زیره سبز براساس نشانگر ریزماهواره، ماتریس تشابه *نی* و *لی* و روش UPGMA

Fig. 4: Clustering of *Carum carvi* and *Cuminum cyminum* genotypes using SSRs based on the similarity matrix of Nei and Lee, UPGMA methods

بحث

چندشکلی و شاخص چندشکلی

تاکنون مقادیر مختلفی برای چندشکلی و شاخص چندشکلی توسط نشانگرها و نشانگرهای مختلف مثل RAPD، SSRs، ISSR و غیره گزارش شده است مثلاً *بهرامی‌نژاد* و همکاران (Bahraminejad *et al.*, 2012)، شاخص چندشکلی را در زیره سبز از ۰/۰۷۵ تا ۰/۳۷، *بریان* و همکاران (1997) میانگین ۰/۵۱، *ماکافری* و همکاران (Maccarfei *et al.*, 2003) از ۰/۰۷ تا ۰/۸ و با میانگین ۰/۵۶، *پراساد* و همکاران (2000) میانگین ۰/۹ (فقط برای موتیف‌های دی نوکلئوتیدی)، *فیژو* و همکاران (FeiZho *et al.*, 2003) از ۰/۴ تا ۱ و با میانگین ۰/۸۳۳، *بوهن* و همکاران (Bohn *et al.*, 1999) میانگین ۰/۳، هاشمی و

همکاران (۱۳۸۷)، تعداد قطعه را از ۱ تا ۶ و میانگین ۲/۱۴، *محمدنژاد و بهرامی‌نژاد* (Mohammadinejad and Bahraminejad, 2013) میانگین ۲ قطعه، *مجید و شارما* (Majeed and Sharma, 2006) که با ۳۶ نشانگر RAPD، ۱۶۸ قطعه تکثیر و میانگین ۴/۶، *پژمان‌مهر* و همکاران (Pejmanmehr *et al*., 2009)، با میانگین ۱۳/۶۶، *دهقان کوهستانی* و همکاران (2008)، تعداد قطعه تکثیری را از ۱۷ تا ۳۳، و *سپهوند* و همکاران (Sepahvand *et al*., 2015)، میانگین ۲/۴ در کینوا و *جمشیدی‌جم* و همکاران (Jamshidi-Jam *et al*., 2014) میانگین ۲/۹۴ در زیتون گزارش داده‌اند.

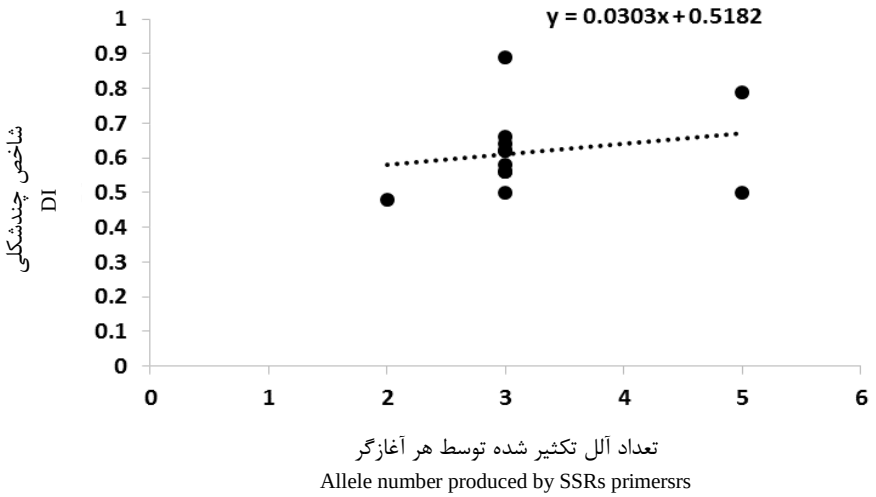
از تمام نتایج بالا به‌علاوه نتایج این تحقیق می‌توان فهمید که شاخص چندشکلی نمی‌تواند عدد ثابتی داشته باشد و گزارش شده *پراساد* و همکاران (2000) که بستگی به عواملی مثل تعداد قطعه تولیدی توسط هر جایگاه، نوع توالی‌های تکراری (تکرارهای دو نوکلئوتیدی در مقایسه با توالی تکراری سه نوکلئوتیدی و چهارتایی چندشکلی کمتری دارند) *رودر* و همکاران، 1998؛ *ماکافری* و همکاران، 2003؛ *فاضلی‌نسب* و *نقوی* (Fazeli-Nasab and Naghavi, 2011) و طول توالی تکراری که نیز همبستگی معنی‌داری با شاخص چندشکلی دارد (*بریان* و همکاران، 1997).

تعداد ژنوتیپ و تعداد نشانگر ریزماهواره همبستگی مثبتی با میزان اطلاعات چندشکلی دارند (*پراساد* و همکاران، 2000). به‌طوری‌که میانگین شاخص چندشکلی در تحقیقی با ۱۸ ژنوتیپ و ۱۵ نشانگر در گندم ۰/۶۳ و همین مقدار زمانی که تعداد جمعیت‌ها به عدد ۶ رسانده شد ۰/۵۴ به‌دست آمد (*پراساد* و همکاران، 2000). با توجه به این‌که میزان چندشکلی با میانگین تعداد قطعه تولیدی در هر جایگاه همبستگی مثبت دارد (*رودر* و همکاران، 1995؛ *فاضلی‌نسب* و نقوی، 2011). در نتیجه در شکل‌های ۵، ۶ و ۷ همبستگی بالای بین تعداد قطعه تولیدشده توسط هر نشانگر و شاخص چندشکلی هر نشانگر می‌باشد که مؤید مطلب بالا است.

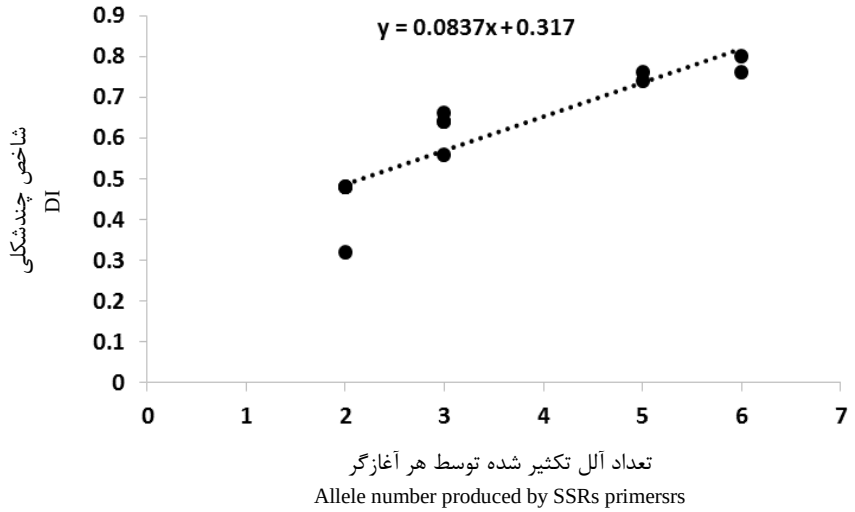
شاخص چندشکلی یکی از شاخص‌های مهم جهت مقایسه نشانگرهای مختلف از نظر قدرت تمایز آن‌ها به‌شمار رفته و مقادیر بالای این معیار دلالت بر چندشکلی زیاد در یک جایگاه نشانگری دارد که در تفکیک و تمایز افراد نقش به‌سزایی دارد *گنج‌خانلو* و همکاران (Ganj-Khanloo *et al*., 2012). از طرفی بالا بودن میانگین شاخص چندشکلی هر نشانگر ریزماهواره، آن را برای تخمین تنوع ژنتیکی و تمایز اکوتیپ‌های نزدیک مفید کرده است (رحیمی و همکاران، 2015؛ *پاول* و همکاران، 1996). بنابراین نشانگرهای Ealp017 و Ealp741 در زیره سبز، Ealp1479 و Ealp024، EalpD333 و Ealp245 در زیره سیاه که تنوع ژنتیکی بالایی دارند می‌توان گفت که برای مطالعات تنوع ژنتیکی مناسب و برای تحقیقات بعدی روی جمعیت‌های زیره پیشنهاد می‌شوند.

تاکنون هیچ نوع مطالعه‌ای مشترک بین زیره سبز و زیره سیاه صورت نگرفته اما در این تحقیق مشخص شد که براساس نتایج تجزیه خوشه‌ای (شکل ۴) آهنگ جدا شدن جمعیت‌های زیره سبز و زیره سیاه و قرار گرفتن جمعیت‌هایی در کنار هم، که از لحاظ موقعیت جغرافیایی نزدیک به هم هستند نشان از روند تکاملی دارد که این دو نوع گیاه هم متفاوت بوده و هم دارای اشتراک‌هایی هستند که این اشتراک‌ها در قطعه‌های تکثیر شده مشخص شده به‌طوری‌که اختلاف معنی‌داری بین تعداد قطعه‌های زیرماهواره تکثیر شده و شاخص تنوع به‌دست آمده در هر دو زیره وجود نداشته است (جداول ۸ و ۹). براساس نوع توالی تکراری ریزماهواره‌ها و هم‌چنین شاخص‌های تنوع شانن و نی در جمعیت‌های زیره مشخص شد که اختلاف بین زیره سبز و زیره سیاه معنی‌دار و زیره سیاه دارای تنوع بیشتری نسبت به زیره سبز است (جداول ۴ و ۱۰؛ شکل ۹).

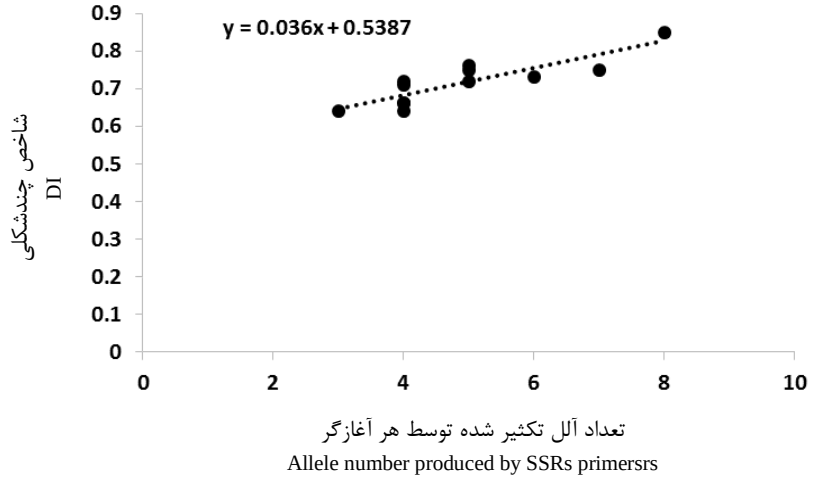
با توجه به این‌که هرچقدر تعداد توالی تکراری ریزماهواره‌ها بیشتر باشد چندشکلی بیشتری نیز خواهد داشت (*رودر* و همکاران، 1998؛ *ماکافری* و همکاران، 2003؛ *فاضلی‌نسب* و *نقوی*، 2011). لذا در این تحقیق نیز این مورد بررسی و مشخص شد توالی ریزماهواره‌هایی که تکرار بیش از دو نوکلئوتیدی داشتند شاخص چندشکلی بالاتری داشتند (جدول ۱۰ و شکل ۸).



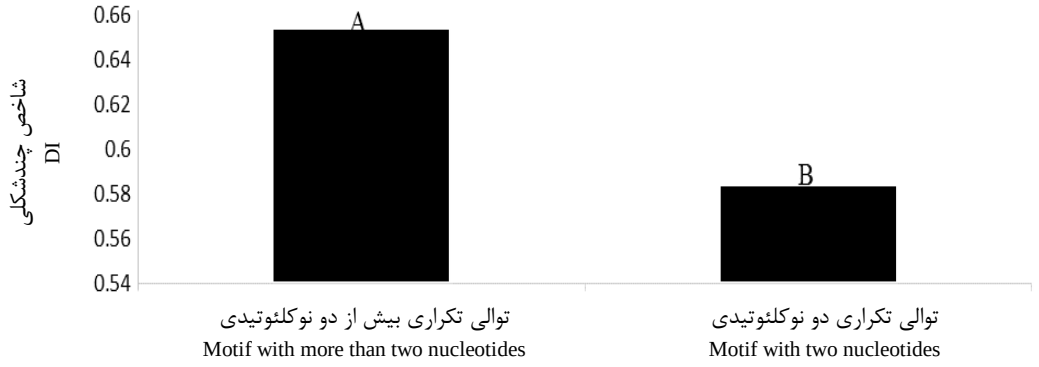
شکل ۵: ارتباط بین تعداد قطعه تولید شده توسط هر نشانگر SSR و شاخص چندشکلی در زیره سبز
Fig. 5: Correlation between allele produced by SSRs markers and DI in *Carum carvi*



شکل ۶: ارتباط بین تعداد قطعه تولید شده توسط هر نشانگر SSR و شاخص چندشکلی در زیره سیاه
Fig. 6: Correlation between allele produced by SSRs markers and DI in *Cuminum cyminum*

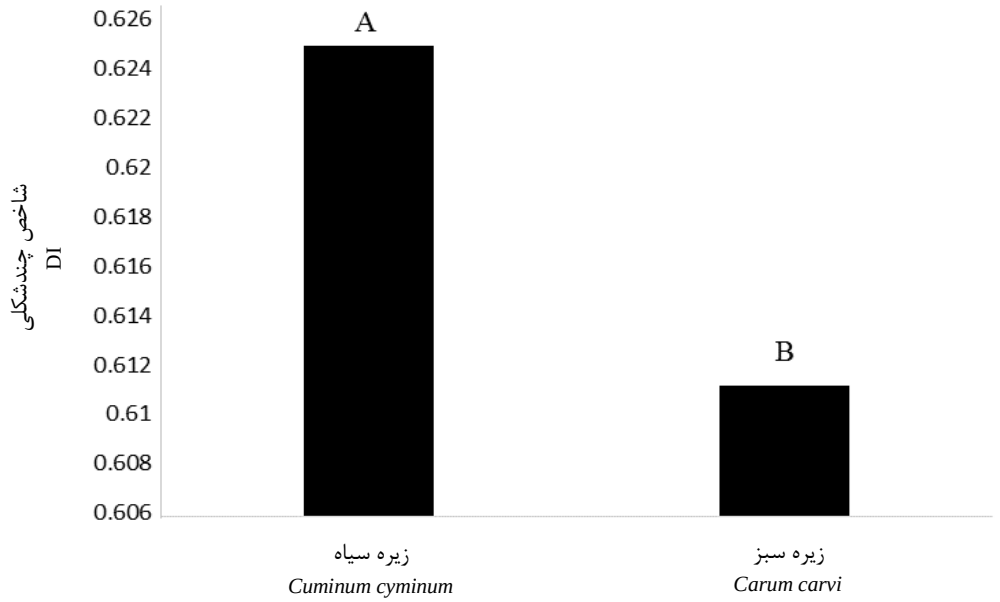


شکل ۷: ارتباط بین تعداد قطعه تولید شده توسط هر نشانگر SSR و شاخص چندشکلی در زیره سبز و سیاه
Fig. 7: Correlation between allele produced by SSRs markers and DI in *Carum carvi* and *Cuminum cyminum*



شکل ۸: مقایسه میانگین نوع توالی تکراری منطقه تکثیر شده توسط ریزماهواره‌های مختلف براساس شاخص چندشکلی

Fig. 8: Mean compare of all primer produced based on Motif and DI of them



شکل ۹: مقایسه میانگین میزان تنوع زیره سبز و زیره سیاه براساس شاخص چندشکلی

Fig. 9: Mean compare of *Carum carvi* and *Cuminum cyminum* diversity based in DI of them

جدول ۸: ارزیابی شاخص تنوع نشانگرهای ریزماهواره تکثیر شده در زیره سبز و سیاه

Table 8: Evaluation of all diversity index of primers produced in *Carum carvi* and *Cuminum cyminum*

معنی‌داری آماری F	میانگین مربعات MS	مجموع مربعات SS	درجه آزادی df	منابع تغییر Sources of variation
0.01^{ns}	0.00011	0.00011	1	شاخص تنوع Diversity index
	0.01529	0.32110	21	خطا Error
		0.32121	22	کل Total

ns: غیرمعنی‌دار

ns: Non-significant

جدول ۹: ارزیابی تعداد قطعه تکثیر شده توسط نشانگرهای ریزماهواره در زیره سبز و سیاه

Table 9: Evaluation of allele number produced by SSRs primers in *Carum carvi* and *Cuminum cyminum*

منابع تغییر Sources of variation	درجه آزادی df	مجموع مربعات SS	میانگین مربعات MS	معنی‌داری آماری F
تعداد قطعه چند شکل Polymorphic alleles	1	0.2964	0.29644	0.18^{ns}
خطا Error	21	35.1818	1.67532	
کل Total	22	35.4783		

ns: غیرمعنی‌دار

ns: non-significant

جدول ۱۰: ارزیابی میزان شاخص چندشکلی نشانگرهای ریزماهواره براساس نوع توالی تکراری منطقه تکثیر شده در زیره سبز و زیره سیاه

Table 10: Evaluation of DI produced by SSRs primers based on motif of produced alleles in *Carum carvi* and *Cuminum cyminum*

منابع تغییر Sources of variation	درجه آزادی df	مجموع مربعات SS	میانگین مربعات MS	معنی‌داری آماری F
نوع زیره Plant	1	4.320E-04	4.320E04	$6.842E28^{**}$
موتیف Motif	1	0.01458	0.01458	$2.309E30^{**}$
موتیف × نوع زیره Motif × Plant	1	0.03763	0.03763	$5.960E30^{**}$
خطا Error	8	5.051E-32	6.314E-33	
کل Total	11	0.052		

**: معنی‌دار در سطح یک درصد

**: Significant at 1% level

ضریب تشابه

گزارش گردیده که ضریب تشابه تا حدودی تحت تأثیر تعداد ژنوتیپ و تعداد نشانگر قرار می‌گیرد (*فاضلی‌نسب* و *نقوی*، 2011). مثلاً *پاراشهر* و همکاران (Parashar *et al.*, 2014) از ۰/۳۷تا ۰/۸۷، *سیدلرلوزیکوسکا* و همکاران (Seidler-Łożykowska *et al.*, 2014) از ۰/۳۳ تا ۰/۷۸، *بوهن* و همکاران (1999) میانگین ۵۷/، *ماکافری* و همکاران (2003) میانگین ۰/۴۴، *آگراما و توینسترا* (2003) میانگین ۰/۴۳ به‌دست آوردند. ضمناً با توجه به میزان پایین اعداد شباهت در زیره‌های سیاه می‌توان فهمید که بین آن‌ها تنوع بیشتر بوده و می‌توان از این تنوع در بهبود خصوصیات کمی و کیفی استفاده کرد. *دهقان‌کوهستانی* و همکاران (2008) نیز تنوع ژنتیکی بالایی را در میان جمعیت‌های بومی زیره سیاه استان کرمان، حتی میان توده‌های نزدیک به هم از لحاظ جغرافیایی نشان دادند. هم‌چنین *هاشمی* و همکاران (2010) تنوع ژنتیکی خوبی را بین ۱۵ توده زیره پارسی ایران نشان دادند. دامنه شباهت بین این نمونه‌ها از ۰/۶۶ تا ۰/۹۶ متغیر بود.

چندین عامل اکولوژیکی سبب انباشته شدن تفاوت ژنتیکی بین دو جمعیت می‌شود. مکان‌های جغرافیایی مختلف از نظر برخی ویژگی‌های اکولوژیکی ازجمله عرض و طول جغرافیایی، دما و رطوبت متفاوت‌اند. این عوامل فاکتورهای اکو جغرافیایی خوانده می‌شوند و سبب گوناگونی ژنتیک در بین دو جمعیت می‌شوند. با توجه به نتایج، استفاده از جمعیت‌های مناطق جغرافیایی بیشتر برای تأیید الگوی موجود لازم است.

در گونه‌های دگرگشن به علت ایجاد ترکیبات ژنی جدید، جریان ژنی بالا و فشار شرایط محیطی حاکم بر منطقه، منجر به تثبیت یک سری ژن‌های خاص شده لذا فاصله ژنتیکی درون جمعیت‌ها پراکنده بوده و در عوض تنوع بین جمعیت نسبتاً کم است *همریچ* و *گادت*؛ *رائوف* و همکاران (Hamrick and Godt, 1996; Rauf *et al.*, 2010) اما در گونه‌های خودگشن به دلیل وجود قطعه‌های متفاوت درون هر جمعیت، تغییرات بیشتری درون جمعیت‌ها وجود دارد *رائو* و *هوجکین* (Rao and Hodgkin, 2002) و در کل هم در گیاهان خودگشن و هم دگرگشن در اکثر حالات تنوع درون جمعیت بیشتر از تنوع بین

جمعیت بوده ولی این میزان تنوع در گیاهان خودگشن بیشتر از دگرگشن است.

در تحقیق حاضر نتایج تجزیه واریانس مولکولی تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌ها ۸۷ و بیشتر از تنوع بین جمعیت‌ها ۱۳ درصد بود. وجود تنوع بالا درون جمعیت در گیاهان دیگر با استفاده از نشانگر RAPD (شباهت بیشتر گونه *M. piperita* را با گونه *M. aquatic*) *مومنی* و همکاران (Momeni *et al*., 2006) و نشانگر ISSR؛ شوید *بهاری* و همکاران (Bahari *et al*., 2015)، لاله واژگون *مومنی* و همکاران (Momeni *et al*., 2013)، مازودار و وی‌ول *علیخانی* و همکاران (Alikhani *et al*., 2014)، نعناع *رودریگز* و همکاران (Rodrigues *et al*., 2013) و مرزه *کاملی* و همکاران (Kameli *et al*., 2013) گزارش شده است. از عوامل مؤثر در توجیه تنوع بیشتر درون جمعیت مواردی ازجمله خودگشن بودن گیاه، یک‌ساله بودن، ازدیاد با بذر، تعداد مکان‌های قطعه‌ی مورد بررسی، موقعیت قطعه‌ی و ژنوتیپی جمعیت، نوع تلاقی و اندازه جمعیت را می‌توان ذکر نمود *پژمانمهر* و همکاران (Pezhmanmehr *et al*., 2010) بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌ها به‌دلیل دخالت چندین عامل ازجمله پیوستگی، تلاقی خویشاوندی، مهاجرت و تفاوت‌های موجود در افراد تشکیل‌دهنده جمعیت‌ها دارای پیچیدگی‌هایی است *محمدی و پراسانا* (Mohammadi and Prassana, 2003)

قرار گرفتن نمونه‌های جمع‌آوری شده از مناطق جغرافیایی مختلف در خوشه‌های یکسان می‌تواند نشانه‌ای از تشابه ژنتیکی و یا تبادل فیزیکی بذر بین مناطق مختلف باشد که تفسیر آن براساس تبادلات فیزیکی نسبت به تشابهات ژنتیک توجیه‌پذیری بیشتری دارد *بهاری* و همکاران (Bahari *et al*., 2015).

با توجه به این‌که فاصله ژنتیکی بیشتر در هنگام تلاقی جمعیت‌ها یا لاین‌ها، سبب افزایش مکان‌های ژنی هتروزیگوت و بالا بردن احتمال اثر هتروزیس می‌شود *درینیچ* و همکاران؛ *اولفتی* و همکاران (Drinic *et al*., 2002; Olfati *et al*., 2012)، و از طرفی فاصله ژنتیکی ممکن است با صفات مطلوب مرتبط باشد در نتیجه می‌توان پس از بررسی‌های بیشتر، از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی استفاده کرد *بهاری* و همکاران (Bahari *et al*., 2015). لذا بر این اساس چون کم‌ترین میزان تشابه در زیره سبز مربوط به جمعیت‌های زیره سبز سبزوار با زیره سبز گزبرخوار و در زیره سیاه نیز کم‌ترین میزان تشابه مربوط به جمعیت‌های زیره سیاه کرمان و زیره سیاه نیشابور. بوده در نتیجه می‌توان ذکر کرد که جهت هر نوع تلاقی و اصلاح گیاه دارویی زیره بهتر است از این جمعیت‌ها به‌عنوان از پایه‌های پدری یا مادری و یا دهنده ژن انتخاب انتخاب کرد.

نتیجه‌گیری نهایی

با توجه به این‌که تاکنون از نشانگر ریزماهواره در ارزیابی ژنتیکی زیره استفاده نشده لذا از نشانگرهای ریزماهواره که در چوچاخ گزارش شده بود استفاده و نتایج به‌دست آمده نشان می‌دهد که گیاهان یک خانواده دارای مناطق حفاظت شده بوده و نیز تأییدی بر اصول تکامل می‌باشد. نشانگر ریزماهواره مورد استفاده در این مطالعه توانست تنوع لازم را در جمعیت‌های زیره سبز و سیاه نشان دهد به‌طوری‌که براساس تعداد قطعه تکثیر شده و شاخص چندشکلی بین زیره سبز و زیره سیاه اختلاف معنی‌داری نبود اما براساس شاخص چندشکلی به‌دست آمده از نوع توالی ریزماهواره (تکرارهای دو و بیش از دو نوکلئوتیدی)، ریزه سیاه دارای تنوع بیشتری نسبت به زیره سبز بود. هم‌چنین در این تحقیق برای اولین بار از نشانگر SSR در زیره سیاه استفاده شد.

در کل نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که نشانگرهای ریزماهواره نشانگرهای بسیار مناسبی جهت تفکیک و شناسایی جمعیت های مختلف زیره می‌باشند. از این نشانگرها نه تنها در گروه‌بندی جمعیت‌ها بلکه در شناسایی ژن‌های مختلف مقاومت به استرس‌های زنده و غیرزنده می‌توان استفاده نمود. از آنجایی‌که تلاقی جمعیت‌هایی که از نظر مولکولی دورتر می‌باشند می‌تواند جمعیت‌هایی با تنوع بیشتر را ایجاد نماید، نتایج این تحقیق می‌تواند در جهت برنامه‌ریزی اصلاحی به‌منظور ایجاد جمعیت‌های متنوع تر برای صفات و جایگاه‌های مختلف کروموزومی مدنظر قرار گیرد.

منابع

جهت مطالعه منابع به صفحه‌های ۱۳-۱۵ متن انگلیسی مراجعه شود.